ODP on 6,261,836 claims 3, 8-10
~~Sequence 224-100% identity~~
on claims 1, 21-24, 33


```
OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on:          October 29, 2004, 16:25:00 ; Search time 310 Seconds
                                             (without alignments)
                                             9205.862 Million cell updates/sec

Title:           US-10-044-692-1
Perfect score:   4015
Sequence:        1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGC..........TTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015

Scoring table:   IDENTITY_NUC
                 Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched:        824507 seqs, 355394441 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      1649014

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       Issued_Patents_NA:*
                 1:  /cgn2_6/ptodata/1/ina/5A_COMB.seq:*
                 2:  /cgn2_6/ptodata/1/ina/5B_COMB.seq:*
                 3:  /cgn2_6/ptodata/1/ina/6A_COMB.seq:*
                 4:  /cgn2_6/ptodata/1/ina/6B_COMB.seq:*
                 5:  /cgn2_6/ptodata/1/ina/PCTUS_COMB.seq:*
                 6:  /cgn2_6/ptodata/1/ina/backfiles1.seq:*

   Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
   score greater than or equal to the score of the result being printed,
   and is derived by analysis of the total score distribution.
```

~~6,261,836~~
~~6,475,789~~
~~6093809~~
~~6309867~~
~~6617110~~

SUMMARIES

Result No.	Score	% Query Match	Length	DB	ID	Description
1	4015	100.0	4015	3	US-08-851-843A-224	Sequence 224, App
2	4015	100.0	4015	3	US-08-974-549A-1	Sequence 1, Appli
3	4015	100.0	4015	3	US-08-854-050-224	Sequence 224, App
4	4015	100.0	4015	3	US-09-430-323-224	Sequence 224, App
5	4015	100.0	4015	3	US-09-572-423B-3	Sequence 3, Appli
6	4015	100.0	4015	3	US-09-128-354-1	Sequence 1, Appli
7	4015	100.0	4015	4	US-09-675-321-1	Sequence 1, Appli
8	4015	100.0	4015	4	US-09-052-919-1	Sequence 1, Appli
9	4015	100.0	4015	4	US-08-912-951-1	Sequence 1, Appli
10	4015	100.0	4015	4	US-09-733-294A-3	Sequence 3, Appli
11	4015	100.0	4015	4	US-09-402-181B-1	Sequence 1, Appli
12	4015	100.0	4015	4	US-09-721-456-1	Sequence 1, Appli
13	4015	100.0	4015	4	US-09-953-052-1	Sequence 1, Appli
14	4015	100.0	4015	4	US-09-465-491-1	Sequence 1, Appli
15	4008.6	99.8	4037	3	US-08-974-549A-343	Sequence 343, App
16	4008.6	99.8	4037	4	US-09-402-181B-343	Sequence 343, App
17	4008.6	99.8	4037	4	US-09-721-456-343	Sequence 343, App
18	3849.2	95.9	4029	3	US-08-851-843A-173	Sequence 173, App
19	3849.2	95.9	4029	3	US-08-974-549A-292	Sequence 292, App
20	3849.2	95.9	4029	3	US-08-854-050-173	Sequence 173, App
21	3849.2	95.9	4029	3	US-09-430-323-173	Sequence 173, App
22	3849.2	95.9	4029	4	US-09-402-181B-292	Sequence 292, App
23	3849.2	95.9	4029	4	US-09-721-456-292	Sequence 292, App
24	3641	90.7	3855	3	US-08-974-549A-4	Sequence 4, Appli
25	3641	90.7	3855	4	US-08-912-951-4	Sequence 4, Appli
26	3641	90.7	3855	4	US-09-402-181B-4	Sequence 4, Appli
27	3641	90.7	3855	4	US-09-721-456-4	Sequence 4, Appli
28	2205.2	54.9	3451	3	US-08-974-549A-721	Sequence 721, App
29	2205.2	54.9	3451	4	US-09-721-456-721	Sequence 721, App
30	2200.8	54.8	3396	3	US-08-974-549A-639	Sequence 639, App
31	2200.8	54.8	3396	4	US-09-721-456-639	Sequence 639, App
32	2196.6	54.7	3396	3	US-08-974-549A-638	Sequence 638, App
33	2196.6	54.7	3396	4	US-09-721-456-638	Sequence 638, App
34	1960.4	48.8	2176	3	US-08-974-549A-3	Sequence 3, Appli
35	1960.4	48.8	2176	4	US-08-912-951-3	Sequence 3, Appli
36	1960.4	48.8	2176	4	US-09-402-181B-3	Sequence 3, Appli
37	1960.4	48.8	2176	4	US-09-721-456-3	Sequence 3, Appli
38	1877.2	46.8	2171	3	US-08-851-843A-100	Sequence 100, App
39	1877.2	46.8	2171	3	US-08-974-549A-266	Sequence 266, App
40	1877.2	46.8	2171	3	US-08-854-050-100	Sequence 100, App
41	1877.2	46.8	2171	3	US-09-430-323-100	Sequence 100, App
42	1877.2	46.8	2171	4	US-09-402-181B-266	Sequence 266, App
43	1877.2	46.8	2171	4	US-09-721-456-266	Sequence 266, App
44	1862.2	46.4	3396	3	US-08-974-549A-642	Sequence 642, App
45	1862.2	46.4	3396	4	US-09-721-456-642	Sequence 642, App

checked for AP

ALIGNMENTS

```
RESULT 1
US-08-851-843A-224
; Sequence 224, Application US/08851843A
; Patent No. 6093809
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Cech, Thomas R.
;    APPLICANT:  Lingner, Joachim
;    APPLICANT:  Nakamura, Toru
;    APPLICANT:  Chapman, Karen B.
;    APPLICANT:  Morin, Gregg B.
;    APPLICANT:  Harley, Calvin
;    APPLICANT:  Andrews, William H.
;    TITLE OF INVENTION:  No. 6093809el Telomerase
;    NUMBER OF SEQUENCES:  225
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, 8th Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  United States of America
;      ZIP:  94111
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/851,843A
;      FILING DATE:  06-MAY-1997
;      CLASSIFICATION:
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;      FILING DATE:  25-APR-1997
;      CLASSIFICATION:
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;      FILING DATE:  18-APR-1997
;      CLASSIFICATION:
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;      FILING DATE:  01-OCT-1996
;      CLASSIFICATION:
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Apple,  Randolph T.
;      REGISTRATION NUMBER:  36,429
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  015389-002930US
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  (415) 576-0200
;      TELEFAX:  (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO:  224:
```

```
;     SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;       LENGTH:  4015 base pairs
;       TYPE:  nucleic acid
;       STRANDEDNESS:  single
;       TOPOLOGY:  linear
;     MOLECULE TYPE:  cDNA
;     FEATURE:
;       NAME/KEY:  CDS
;       LOCATION:  56..3454
;       OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;       OTHER INFORMATION:  /note= "human telomerase reverse
;       OTHER INFORMATION:  transcriptase (hTRT) catalytic protein
;       OTHER INFORMATION:  component"
US-08-851-843A-224

  Query Match            100.0%;  Score 4015;  DB 3;  Length 4015;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
```

```
Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

RESULT 2
US-08-974-549A-1
; Sequence 1, Application US/08974549A
; Patent No. 6166178

```
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Cech, Thomas R.
;    APPLICANT:  Lingner, Joachim
;    APPLICANT:  Nakamura, Toru
;    APPLICANT:  Chapman, Karen B.
;    APPLICANT:  Morin, Gregg B.
;    APPLICANT:  Harley, Calvin B.
;    APPLICANT:  Andrews, William H.
;    TITLE OF INVENTION:  Human Telomerase Catalytic Subunit
;    NUMBER OF SEQUENCES:  727
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  94111-3834
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/974,549A
;      FILING DATE:  19-NOV-1997
;      CLASSIFICATION:  536
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;      FILING DATE:  01-OCT-1996
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;      FILING DATE:  18-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;      FILING DATE:  25-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/851,843
;      FILING DATE:  06-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/854,050
;      FILING DATE:  09-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/911,312
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/912,951
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/915,503
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17618
;      FILING DATE:  01-OCT-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17885
;      FILING DATE:  01-OCT-1997
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Apple, Randolph Ted
;      REGISTRATION NUMBER:  36,429
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  015389-002610US
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  (415) 576-0200
;      TELEFAX:  (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO:  1:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  4015 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  cDNA
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  CDS
;      LOCATION:  56..3454
;      OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;      OTHER INFORMATION:  /note= "human telomerase reverse
;      OTHER INFORMATION:  transcriptase (hTRT) catalytic protein
;      OTHER INFORMATION:  component"
US-08-974-549A-1

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 3;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGCCGCCA 960
```

```
Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy         3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy         3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy         3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy         3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy         3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy         3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy         3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy         3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy         3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy         3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy         3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy         3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy         3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy         3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015

RESULT 3
US-08-854-050-224
; Sequence 224, Application US/08854050
; Patent No. 6261836
;  GENERAL INFORMATION:
;     APPLICANT:  Cech, Thomas R.
;     APPLICANT:  Lingner, Joachim
;     APPLICANT:  Nakamura, Toru
;     APPLICANT:  Chapman, Karen B.
;     APPLICANT:  Morin, Gregg B.
;     APPLICANT:  Harley, Calvin
;     APPLICANT:  Andrews, William H.
;     TITLE OF INVENTION:  No. 6261836el Telomerase
;     NUMBER OF SEQUENCES:  225
;     CORRESPONDENCE ADDRESS:
;       ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;       STREET:  Two Embarcadero Center, 8th Floor
;       CITY:  San Francisco
;       STATE:  California
;       COUNTRY:  United States of America
;       ZIP:  94111
;     COMPUTER READABLE FORM:
;       MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;       COMPUTER:  IBM PC compatible
;       OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;       SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;     CURRENT APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US/08/854,050
;       FILING DATE:  09-MAY-1997
;       CLASSIFICATION:  536
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/851,843
;       FILING DATE:  06-MAY-1997
;       CLASSIFICATION:  536
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;       FILING DATE:  25-APR-1997
;       CLASSIFICATION:  536
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;       FILING DATE:  18-APR-1997
;       CLASSIFICATION:  536
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;       FILING DATE:  01-OCT-1996
;       CLASSIFICATION:  536
;     ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;       NAME:  Apple,  Randolph T.
;       REGISTRATION NUMBER:  36,429
;       REFERENCE/DOCKET NUMBER:  015389-002930US
;     TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;       TELEPHONE:  (415) 576-0200
;       TELEFAX:  (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO:  224:
;     SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;       LENGTH:  4015 base pairs
;       TYPE:  nucleic acid
;       STRANDEDNESS:  single
;       TOPOLOGY:  linear
;     MOLECULE TYPE:  cDNA
;     FEATURE:
;       NAME/KEY:  CDS
;       LOCATION:  56..3454
;       OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;       OTHER INFORMATION:  /note= "human telomerase reverse
;       OTHER INFORMATION:  transcriptase (hTRT) catalytic protein
;       OTHER INFORMATION:  component"
US-08-854-050-224

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 3;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy            1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy           61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy          121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy          181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy     241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy     301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy     361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy     421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy     481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy     541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy     601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy     661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy     721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy     781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy     841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy     901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy     961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy    1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy    1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy    1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy    1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy    1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy    1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy    1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy    1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy    1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy    1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy    1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy    1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy    1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy    1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy    1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy    1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy    1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy    2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy    2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy    2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy    2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy    2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy    2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
```

```
Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 4
US-09-430-323-224
; Sequence 224, Application US/09430323
; Patent No. 6309867
;  GENERAL INFORMATION:
;       APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                  Lingner, Joachim
;                  Nakamura, Toru
;                  Chapman, Karen B.
;                  Morin, Gregg B.
;                  Harley, Calvin
;                  Andrews, William H.
;       TITLE OF INVENTION: No. 6309867el Telomerase
;       NUMBER OF SEQUENCES: 225
;       CORRESPONDENCE ADDRESS:
;            ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;            STREET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
;            CITY: San Francisco
;            STATE: California
;            COUNTRY: United States of America
;            ZIP: 94111
;       COMPUTER READABLE FORM:
;            MEDIUM TYPE: Floppy disk
;            COMPUTER: IBM PC compatible
;            OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;            SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;       CURRENT APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/09/430,323
;            FILING DATE: 29-Oct-1999
;            CLASSIFICATION: &lt;Unknown&gt;
;       PRIOR APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;            FILING DATE: 09-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;            FILING DATE: 06-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
```

```
;            FILING DATE: 25-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;            FILING DATE: 18-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;            FILING DATE: 01-OCT-1996
;        ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;            NAME: Apple,  Randolph T.
;            REGISTRATION NUMBER: 36,429
;            REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002930US
;        TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;            TELEPHONE: (415) 576-0200
;            TELEFAX: (415) 576-0300
;    INFORMATION FOR SEQ ID NO: 224:
;        SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;            LENGTH: 4015 base pairs
;            TYPE: nucleic acid
;            STRANDEDNESS: single
;            TOPOLOGY: linear
;        MOLECULE TYPE: cDNA
;        FEATURE:
;            NAME/KEY:  CDS
;            LOCATION:  56..3454
;            OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;            /note= "human telomerase reverse
;            transcriptase (hTRT) catalytic protein
;            component"
;        SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 224:
US-09-430-323-224

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 3;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy        1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy        1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy        1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy        1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy        1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy        2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy        2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy        2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy        2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy        2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy        2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy        2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy        2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy        2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy        2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy        2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy        3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy        3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy        3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
```

```
Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGTCCCTGTGGTCAAATTGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGTCCCTGTGGTCAAATTGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

RESULT 5
US-09-572-423B-3
; Sequence 3, Application US/09572423B
; Patent No. 6331399
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Brett P. Monia
; APPLICANT: William A. Gaarde
; APPLICANT: Edward Wancewicz
; TITLE OF INVENTION: ANTISENSE MODULATION OF TERT EXPRESSION
; FILE REFERENCE: ISPH-0462
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/572,423B
; CURRENT FILING DATE: 2000-05-16
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 29
; SEQ ID NO 3
; LENGTH: 4015
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Homo sapiens
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (56)...(3454)
US-09-572-423B-3

```
  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 3;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
```

```
Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


RESULT 6
US-09-128-354-1
; Sequence 1, Application US/09128354
; Patent No. 6337200
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Morin, Gregg B.
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  TITLE OF INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit Variants
;  FILE REFERENCE: 015389-003310US
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/128,354
;  CURRENT FILING DATE: 1998-08-03
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;  EARLIER FILING DATE: 1997-05-06
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;  EARLIER FILING DATE: 1997-05-09
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: US 08/911,312
;  EARLIER FILING DATE: 1997-08-14
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: US 08/912,951
;  EARLIER FILING DATE: 1997-08-14
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;  EARLIER FILING DATE: 1997-08-14
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17618
;  EARLIER FILING DATE: 1997-10-01
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;  EARLIER FILING DATE: 1997-10-01
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: US 08/974,549
;  EARLIER FILING DATE: 1997-11-19
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: US 08/974,584
;  EARLIER FILING DATE: 1997-11-19
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: US 09/052,864
;  EARLIER FILING DATE: 1998-03-31
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 21
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 4015
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (56)..(3454)
;   OTHER INFORMATION: human telomerase reverse transcriptase (hTRT) cDNA
US-09-128-354-1

  Query Match            100.0%;  Score 4015;  DB 3;  Length 4015;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy        1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy        1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy        1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy        1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy        1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy        1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy        1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy        1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy        1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy        1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy        1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy        1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy        2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy        2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy        2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy        2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy        2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy        2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy        2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy        2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy        2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy        2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy        2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
```

```
Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015

RESULT 7
US-09-675-321-1
; Sequence 1, Application US/09675321
; Patent No. 6440735
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Gaeta, Federico C.A.
;  APPLICANT:  Geron Corporation
;  TITLE OF INVENTION: Methods and Compositions for Eliciting an Immune
;  TITLE OF INVENTION:  Response to a Telomerase Antigen
;  FILE REFERENCE: 015389-003500PC
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/675,321
;  CURRENT FILING DATE:  2000-09-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/112,006
;  PRIOR FILING DATE: 1998-03-31
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: WO PCT/US99/06898
;  PRIOR FILING DATE: 1999-03-30
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 2
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 4015
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (56)..(3454)
;   OTHER INFORMATION: human telomerase reverse transcriptase (hTRT)
US-09-675-321-1

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 4;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy          1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy          1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy          1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy          1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy          1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy          1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy          1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy          1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy          1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy          1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy          1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy          1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy          1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy          1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy          2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy          2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy          2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy          2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy          2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy          2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy          2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy          2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy          2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy          2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy          2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy          2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy          2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy          2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy          2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy          2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy          3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy          3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy          3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy          3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy          3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy          3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
```

```
Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 8
US-09-052-919-1
; Sequence 1, Application US/09052919
; Patent No. 6444650
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Cech, Thomas R.
;    APPLICANT:  Lingner, Joachim
;    APPLICANT:  Nakamura, Toru
;    APPLICANT:  Chapman, Karen B.
;    APPLICANT:  Morin, Gregg B.
;    APPLICANT:  Harley, Calvin B.
;    APPLICANT:  Andrews, William H.
;    TITLE OF INVENTION:  Antisense Compositions for Detecting and
;    TITLE OF INVENTION:  Inhibiting Telomerase Reverse Transcriptase
;    NUMBER OF SEQUENCES:  72
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  94111-3834
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/09/052,919
;      FILING DATE:  31-MAR-1998
;      CLASSIFICATION:  435
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;      FILING DATE:  01-OCT-1996
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;      FILING DATE:  18-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;      FILING DATE:  25-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/851,843
;      FILING DATE:  06-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/854,050
;      FILING DATE:  09-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/911,312
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/912,951
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/915,503
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/974,549
;      FILING DATE:  19-NOV-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/974,584
;      FILING DATE:  19-NOV-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17618
;      FILING DATE:  01-OCT-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17885
;      FILING DATE:  01-OCT-1997
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Parent, Annette S.
;      REGISTRATION NUMBER:  42,058
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  015389-003600US
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  (415) 576-0200
;      TELEFAX:  (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  1:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  4015 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  cDNA
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  CDS
;      LOCATION:  56..3454
;      OTHER INFORMATION:  /product= "human telomerase reverse
;      OTHER INFORMATION:  transcriptase (hTRT)"
US-09-052-919-1

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 4;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
```

```
Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 9
US-08-912-951-1
; Sequence 1, Application US/08912951
; Patent No. 6475789
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Cech, Thomas R.
;    APPLICANT:  Lingner, Joachim
;    APPLICANT:  Nakamura, Toru
;    APPLICANT:  Chapman, Karen B.
;    APPLICANT:  Morin, Gregg B.
;    APPLICANT:  Harley, Calvin
;    APPLICANT:  Andrews, William H.
;    TITLE OF INVENTION:  HUMAN TELOMERASE CATALYTIC SUBUNIT:  DIAGNOSTIC AND
;    TITLE OF INVENTION:  THERAPEUTIC METHODS
;    NUMBER OF SEQUENCES:  335
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, 8th Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  United States of America
;      ZIP:  94111
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/912,951
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;      CLASSIFICATION:  435
```

```
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/854,050
;       FILING DATE:  09-MAY-1997
;       CLASSIFICATION:  435
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/851,843
;       FILING DATE:  06-MAY-1997
;       CLASSIFICATION:  435
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;       FILING DATE:  25-APR-1997
;       CLASSIFICATION:  435
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;       FILING DATE:  18-APR-1997
;       CLASSIFICATION:  435
;     PRIOR APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;       FILING DATE:  01-OCT-1996
;       CLASSIFICATION:  435
;     ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;       NAME:  Apple,  Randolph T.
;       REGISTRATION NUMBER:  36,429
;       REFERENCE/DOCKET NUMBER:  015389-002600US
;     TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;       TELEPHONE:  (415) 576-0200
;       TELEFAX:  (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO:  1:
;     SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;       LENGTH:  4015 base pairs
;       TYPE:  nucleic acid
;       STRANDEDNESS:  single
;       TOPOLOGY:  linear
;     MOLECULE TYPE:  cDNA
;     FEATURE:
;       NAME/KEY:  CDS
;       LOCATION:  56..3454
;       OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;       OTHER INFORMATION:  /note= "human telomerase reverse
;       OTHER INFORMATION:  transcriptase (hTRT) catalytic protein
;       OTHER INFORMATION:  component"
US-08-912-951-1

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 4;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
```

```
Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy     3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy     3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy     3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy     3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy     3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 10
US-09-733-294A-3
; Sequence 3, Application US/09733294A
; Patent No. 6492171
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Brett P. Monia
;  APPLICANT:  William Gaarde
;  APPLICANT:  Susan M. Freier
;  APPLICANT:  Edward V. Wancewicz
;  TITLE OF INVENTION: ANTISENSE MODULATION OF TERT EXPRESSION
;  FILE REFERENCE: ISPH-0527
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/733,294A
;  CURRENT FILING DATE:  2000-12-07
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 09/572,423
;  PRIOR FILING DATE: 2000-05-16
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 108
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 4015
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (56)...(3454)
US-09-733-294A-3

  Query Match              100.0%;  Score 4015;  DB 4;  Length 4015;
  Best Local Similarity    100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy       61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy      121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy      181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy      241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy      301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy      361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy      421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy      481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy      541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy      601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy      661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy      721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy      781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy      841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy      901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy      961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy     1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy     1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy     1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy     1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy     1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy     1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy     1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy        1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy        1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy        1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy        1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy        1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy        1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy        1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy        1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy        1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy        1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy        2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy        2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy        2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy        2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy        2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy        2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy        2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy        2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy        2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy        2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy        2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
```

```
Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 11
US-09-402-181B-1
; Sequence 1, Application US/09402181B
; Patent No. 6610839
;  GENERAL INFORMATION:
;       APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                  Lingner, Joachim
;                  Nakamura, Toru
;                  Chapman, Karen B.
;                  Morin, Gregg B.
;                  Harley, Calvin B.
;                  Andrews, William H.
;       TITLE OF INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit
;       NUMBER OF SEQUENCES: 633
;       CORRESPONDENCE ADDRESS:
;            ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;            STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;            CITY: San Francisco
;            STATE: California
;            COUNTRY: USA
;            ZIP: 94111-3834
;       COMPUTER READABLE FORM:
;            MEDIUM TYPE: Floppy disk
;            COMPUTER: IBM PC compatible
;            OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;            SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;       CURRENT APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/09/402,181B
;            FILING DATE: 29-Sep-1997
;            CLASSIFICATION: <Unknown>
;       PRIOR APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;            FILING DATE: 01-OCT-1996
;            APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;            FILING DATE: 18-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;            FILING DATE: 25-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;            FILING DATE: 06-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;            FILING DATE: 09-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/911,312
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/912,951
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;            FILING DATE: 01-OCT-1997
;       ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;            NAME: Ausenhus, Scott L.
;            REGISTRATION NUMBER: 42,271
;            REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002620US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;            TELEPHONE: (415) 576-0200
;            TELEFAX: (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;            LENGTH: 4015 base pairs
;            TYPE: nucleic acid
;            STRANDEDNESS: single
;            TOPOLOGY: linear
;       MOLECULE TYPE: cDNA
;       FEATURE:
;            NAME/KEY:  CDS
;            LOCATION:  56..3454
;            OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;            /note= "human telomerase reverse
;            transcriptase (hTRT) catalytic protein
;            component"
;       SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1:
US-09-402-181B-1

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 4;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
```

```
Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy        3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy        3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy        3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy        3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy        3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 12
US-09-721-456-1
; Sequence 1, Application US/09721456
; Patent No. 6617110
;  GENERAL INFORMATION:
;       APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                  Lingner, Joachim
;                  Nakamura, Toru
;                  Chapman, Karen B.
;                  Morin, Gregg B.
;                  Harley, Calvin B.
;                  Andrews, William H.
;       TITLE OF INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit
;       NUMBER OF SEQUENCES: 727
;       CORRESPONDENCE ADDRESS:
;            ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;            STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;            CITY: San Francisco
;            STATE: California
;            COUNTRY: USA
;            ZIP: 94111-3834
;       COMPUTER READABLE FORM:
;            MEDIUM TYPE: Floppy disk
;            COMPUTER: IBM PC compatible
;            OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;            SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;       CURRENT APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/09/721,456
;            FILING DATE: 22-No. 6617110-2000
;            CLASSIFICATION: <Unknown>
;       PRIOR APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/08/974,549A
;            FILING DATE: 19-NOV-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;            FILING DATE: 01-OCT-1996
;            APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;            FILING DATE: 18-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;            FILING DATE: 25-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;            FILING DATE: 06-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;            FILING DATE: 09-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/911,312
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/912,951
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17618
;            FILING DATE: 01-OCT-1997
;            APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;            FILING DATE: 01-OCT-1997
;       ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;            NAME: Apple, Randolph Ted
;            REGISTRATION NUMBER: 36,429
;            REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002610US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;            TELEPHONE: (415) 576-0200
;            TELEFAX: (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
```

```
;             LENGTH: 4015 base pairs
;             TYPE: nucleic acid
;             STRANDEDNESS: single
;             TOPOLOGY: linear
;         MOLECULE TYPE: cDNA
;         FEATURE:
;             NAME/KEY:  CDS
;             LOCATION:  56..3454
;             OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;             /note= "human telomerase reverse
;             transcriptase (hTRT) catalytic protein
;             component"
;         SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1:
US-09-721-456-1

  Query Match            100.0%;  Score 4015;  DB 4;  Length 4015;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
```

```
Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

RESULT 13
US-09-953-052-1
; Sequence 1, Application US/09953052
; Patent No. 6627619

```
;   GENERAL INFORMATION:
;        APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                   Lingner, Joachim
;                   Nakamura, Toru
;                   Chapman, Karen B.
;                   Morin, Gregg B.
;                   Harley, Calvin B.
;                   Andrews, William H.
;        TITLE OF INVENTION: Antisense Compositions for Detecting and
;                            Inhibiting Telomerase Reverse Transcriptase
;        NUMBER OF SEQUENCES: 72
;        CORRESPONDENCE ADDRESS:
;             ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;             STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;             CITY: San Francisco
;             STATE: California
;             COUNTRY: USA
;             ZIP: 94111-3834
;        COMPUTER READABLE FORM:
;             MEDIUM TYPE: Floppy disk
;             COMPUTER: IBM PC compatible
;             OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;             SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;        CURRENT APPLICATION DATA:
;             APPLICATION NUMBER: US/09/953,052
;             FILING DATE: 14-Sep-2001
;             CLASSIFICATION: <Unknown>
;        PRIOR APPLICATION DATA:
;             APPLICATION NUMBER: 09/052,919
;             FILING DATE: <Unknown>
;             APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;             FILING DATE: 18-APR-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;             FILING DATE: 25-APR-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;             FILING DATE: 06-MAY-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;             FILING DATE: 09-MAY-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/911,312
;             FILING DATE: 14-AUG-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/912,951
;             FILING DATE: 14-AUG-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;             FILING DATE: 14-AUG-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/974,549
;             FILING DATE: 19-NOV-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/974,584
;             FILING DATE: 19-NOV-1997
;             APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17618
;             FILING DATE: 01-OCT-1997
;             APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;             FILING DATE: 01-OCT-1997
;        ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;             NAME: Parent, Annette S.
;             REGISTRATION NUMBER: 42,058
;             REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-003600US
;        TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;             TELEPHONE: (415) 576-0200
;             TELEFAX: (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
;        SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;             LENGTH: 4015 base pairs
;             TYPE: nucleic acid
;             STRANDEDNESS: single
;             TOPOLOGY: linear
;        MOLECULE TYPE: cDNA
;        FEATURE:
;             NAME/KEY:  CDS
;             LOCATION:  56..3454
;             OTHER INFORMATION:  /product= "human telomerase reverse
;             transcriptase (hTRT)"
;        SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1:
US-09-953-052-1
```

```
  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 4;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
```

```
Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

RESULT 14
US-09-465-491-1
; Sequence 1, Application US/09465491
; Patent No. 6664046
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Chang, Sheng-Yung P.
; APPLICANT: Santini, Christopher D.
; TITLE OF INVENTION: Quantitation of hTERT mRNA Expression
; FILE REFERENCE: RPA1002
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/465,491
; CURRENT FILING DATE: 1999-12-16
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 10
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 4015
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-09-465-491-1

```
  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 4;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
```

```
Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015

RESULT 15
US-08-974-549A-343
; Sequence 343, Application US/08974549A
; Patent No. 6166178
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Cech, Thomas R.
;    APPLICANT:  Lingner, Joachim
;    APPLICANT:  Nakamura, Toru
;    APPLICANT:  Chapman, Karen B.
;    APPLICANT:  Morin, Gregg B.
;    APPLICANT:  Harley, Calvin B.
;    APPLICANT:  Andrews, William H.
;    TITLE OF INVENTION:  Human Telomerase Catalytic Subunit
;    NUMBER OF SEQUENCES:  727
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  94111-3834
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/974,549A
;      FILING DATE:  19-NOV-1997
;      CLASSIFICATION:  536
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;      FILING DATE:  01-OCT-1996
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;      FILING DATE:  18-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;      FILING DATE:  25-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/851,843
;      FILING DATE:  06-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/854,050
;      FILING DATE:  09-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/911,312
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/912,951
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/915,503
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17618
;      FILING DATE:  01-OCT-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17885
;      FILING DATE:  01-OCT-1997
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Apple, Randolph Ted
;      REGISTRATION NUMBER:  36,429
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  015389-002610US
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  (415) 576-0200
;      TELEFAX:  (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  343:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  4037 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  cDNA
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  CDS
;      LOCATION:  56..3454
;      OTHER INFORMATION:  /note= "refined sequence of hTRT cDNA"
US-08-974-549A-343

  Query Match             99.8%;  Score 4008.6;  DB 3;  Length 4037;
  Best Local Similarity   99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 4008;  Conservative    4;  Mismatches    3;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
```

```
Qy    121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy    181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy    241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy    301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy    361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy    421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy    481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy    541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy    601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy    661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy    721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy    781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy    841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy    901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy    961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy   1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy   1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy   1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy   1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy   1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy   1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy   1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy   1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy   1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy   1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy   1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy   1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy   1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  |||||||||||
Db   1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGCCGAGTGTCTGGAG 1800

Qy   1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy   1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy   1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy   1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy   2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy   2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy   2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy   2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy   2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy         2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy         2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy         2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy         2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy         2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy         2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy         2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy         2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy         2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy         2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db         2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTGTCACCTTCAACCG 2940

Qy         2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy         3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy         3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy         3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy         3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy         3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy         3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy         3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy         3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy         3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy         3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy         3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy         3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy         3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
                |||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3721 GGGCCAGCTTTTCYTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy         3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
                ||||||||||||||||||||||:||||||||||:||||||||||||||||||||||||||
Db         3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCYTCGCCCTGCCYTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy         3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy         3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy         3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||
Db         3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGRAAAAAA 4015
```

Search completed: October 30, 2004, 03:18:16
Job time : 321 secs

```
OM protein - nucleic search, using frame_plus_p2n model

Run on:         October 28, 2004, 09:37:02 ; Search time 209 Seconds
                                          (without alignments)
                                          3849.823 Million cell updates/sec

Title:          US-10-044-692-2
Perfect score:  5961
Sequence:       1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYRE..........TALEAAANPALPSDFKTILD 1132

Scoring table:  BLOSUM62
                Xgapop 10.0 , Xgapext  0.5
                Ygapop 10.0 , Ygapext  0.5
                Fgapop  6.0 , Fgapext  7.0
                Delop   6.0 , Delext   7.0

Searched:       824507 seqs, 355394441 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      1649014

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Command line parameters:
-MODEL=frame+_p2n.model -DEV=xlh
-Q=/cgn2_1/USPTO_spool/US10044692/runat_28102004_103655_1383/app_query.fasta_1.1287
-DB=Issued_Patents_NA -QFMT=fastap -SUFFIX=rni -MINMATCH=0.1 -LOOPCL=0
-LOOPEXT=0 -UNITS=bits -START=1 -END=-1 -MATRIX=blosum62 -TRANS=human40.cdi
-LIST=45 -DOCALIGN=200 -THR_SCORE=pct -THR_MAX=100 -THR_MIN=0 -ALIGN=15
-MODE=LOCAL -OUTFMT=pto -NORM=ext -HEAPSIZE=500 -MINLEN=0 -MAXLEN=2000000000
-USER=US10044692_@CGN_1_1_89_@runat_28102004_103655_1383 -NCPU=6 -ICPU=3
-NO_MMAP -LARGEQUERY -NEG_SCORES=0 -WAIT -DSPBLOCK=100 -LONGLOG
-DEV_TIMEOUT=120 -WARN_TIMEOUT=30 -THREADS=1 -XGAPOP=10 -XGAPEXT=0.5 -FGAPOP=6
-FGAPEXT=7 -YGAPOP=10 -YGAPEXT=0.5 -DELOP=6 -DELEXT=7

Database :      Issued_Patents_NA:*
                1:  /cgn2_6/ptodata/1/ina/5A_COMB.seq:*
                2:  /cgn2_6/ptodata/1/ina/5B_COMB.seq:*
                3:  /cgn2_6/ptodata/1/ina/6A_COMB.seq:*
                4:  /cgn2_6/ptodata/1/ina/6B_COMB.seq:*
                5:  /cgn2_6/ptodata/1/ina/PCTUS_COMB.seq:*
                6:  /cgn2_6/ptodata/1/ina/backfiles1.seq:*
```

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	% Query Match	Length	DB	ID	Description
1	5961	100.0	3396	3	US-08-974-549A-638	Sequence 638, App
2	5961	100.0	3396	3	US-08-974-549A-639	Sequence 639, App
3	5961	100.0	3396	3	US-08-974-549A-640	Sequence 640, App
4	5961	100.0	3396	3	US-08-974-549A-641	Sequence 641, App
5	5961	100.0	3396	3	US-08-974-549A-642	Sequence 642, App
6	5961	100.0	3396	4	US-09-721-456-638	Sequence 638, App
7	5961	100.0	3396	4	US-09-721-456-639	Sequence 639, App
8	5961	100.0	3396	4	US-09-721-456-640	Sequence 640, App
9	5961	100.0	3396	4	US-09-721-456-641	Sequence 641, App
10	5961	100.0	3396	4	US-09-721-456-642	Sequence 642, App
11	5961	100.0	3451	3	US-08-974-549A-721	Sequence 721, App
12	5961	100.0	3451	4	US-09-721-456-721	Sequence 721, App
13	5961	100.0	4015	3	US-08-851-843A-224	Sequence 224, App
14	5961	100.0	4015	3	US-08-974-549A-1	Sequence 1, Appli
15	5961	100.0	4015	3	US-08-854-050-224	Sequence 224, App
16	5961	100.0	4015	3	US-09-430-323-224	Sequence 224, App
17	5961	100.0	4015	3	US-09-572-423B-3	Sequence 3, Appli
18	5961	100.0	4015	3	US-09-128-354-1	Sequence 1, Appli
19	5961	100.0	4015	4	US-09-675-321-1	Sequence 1, Appli
20	5961	100.0	4015	4	US-09-052-919-1	Sequence 1, Appli
21	5961	100.0	4015	4	US-08-912-951-1	Sequence 1, Appli
22	5961	100.0	4015	4	US-09-733-294A-3	Sequence 3, Appli
23	5961	100.0	4015	4	US-09-402-181B-1	Sequence 1, Appli
24	5961	100.0	4015	4	US-09-721-456-1	Sequence 1, Appli
25	5961	100.0	4015	4	US-09-953-052-1	Sequence 1, Appli
26	5961	100.0	4015	4	US-09-465-491-1	Sequence 1, Appli
27	5952	99.8	4037	3	US-08-974-549A-343	Sequence 343, App
28	5952	99.8	4037	4	US-09-402-181B-343	Sequence 343, App
29	5952	99.8	4037	4	US-09-721-456-343	Sequence 343, App
30	5593.5	93.8	3855	3	US-08-974-549A-4	Sequence 4, Appli
31	5593.5	93.8	3855	4	US-08-912-951-4	Sequence 4, Appli
32	5593.5	93.8	3855	4	US-09-402-181B-4	Sequence 4, Appli
33	5593.5	93.8	3855	4	US-09-721-456-4	Sequence 4, Appli
34	5579	93.6	4029	3	US-08-851-843A-173	Sequence 173, App
35	5579	93.6	4029	3	US-08-974-549A-292	Sequence 292, App
36	5579	93.6	4029	3	US-08-854-050-173	Sequence 173, App
37	5579	93.6	4029	3	US-09-430-323-173	Sequence 173, App
38	5579	93.6	4029	4	US-09-402-181B-292	Sequence 292, App
39	5579	93.6	4029	4	US-09-721-456-292	Sequence 292, App
40	3505	58.8	3496	4	US-09-042-460-1	Sequence 1, Appli
41	3134	52.6	1866	4	US-09-582-924B-11	Sequence 11, Appl
42	2789	46.8	51552	4	US-09-733-294A-30	Sequence 30, Appl
43	2782	46.7	4200	4	US-08-912-951-6	Sequence 6, Appli
44	2782	46.7	4321	4	US-09-402-181B-6	Sequence 6, Appli
45	2782	46.7	4335	3	US-08-974-549A-6	Sequence 6, Appli

ALIGNMENTS

```
RESULT 1
US-08-974-549A-638
; Sequence 638, Application US/08974549A
; Patent No. 6166178
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Cech, Thomas R.
;    APPLICANT:  Lingner, Joachim
;    APPLICANT:  Nakamura, Toru
;    APPLICANT:  Chapman, Karen B.
;    APPLICANT:  Morin, Gregg B.
;    APPLICANT:  Harley, Calvin B.
;    APPLICANT:  Andrews, William H.
;    TITLE OF INVENTION:  Human Telomerase Catalytic Subunit
;    NUMBER OF SEQUENCES:  727
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  94111-3834
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/974,549A
;      FILING DATE:  19-NOV-1997
;      CLASSIFICATION:  536
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;      FILING DATE:  01-OCT-1996
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;      FILING DATE:  18-APR-1997
```

```
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;      FILING DATE:  25-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/851,843
;      FILING DATE:  06-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/854,050
;      FILING DATE:  09-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/911,312
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/912,951
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/915,503
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17618
;      FILING DATE:  01-OCT-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17885
;      FILING DATE:  01-OCT-1997
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Apple, Randolph Ted
;      REGISTRATION NUMBER:  36,429
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  015389-002610US
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  (415) 576-0200
;      TELEFAX:  (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  638:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  3396 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  DNA
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  1..3396
;      OTHER INFORMATION:  /note= "hTRT-encoding sequence employing
;      OTHER INFORMATION:  alternative codon distributions for
;      OTHER INFORMATION:  E. coli (all genes)"
US-08-974-549A-638

Alignment Scores:
Pred. No.:              0               Length:         3396
Score:                  5961.00         Matches:        1132
Percent Similarity:     100.00%         Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%         Mismatches:     0
Query Match:            100.00%         Indels:         0
DB:                     3               Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-08-974-549A-638 (1-3396)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCGCGCGCGCCGCGCTGCCGCGCGGTGCGCAGCCTGCTGCGCAGCCATTATCGCGAA 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTGCTGCCGCTGGCGACCTTTGTGCGCCGCCTGGGCCCGCAGGGCTGGCGCCTGGTGCAG 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CGCGGCGATCCGGCGGCGTTTCGCGCGCTGGTGGCGCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCGTGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GATGCGCGCCCGCCGCCGGCGGCGCCGAGCTTTCGCCAGGTGAGCTGCCTGAAAGAACTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTGGCGCGCGTGCTGCAGCGCCTGTGCGAACGCGGCGCGAAAAACGTGCTGGCGTTTGGC 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTTGCGCTGCTGGATGGCGCGCGCGGCGGCCCGCCGGAAGCGTTTACCACCAGCGTGCGC 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 AGCTATCTGCCGAACACCGTGACCGATGCGCTGCGCGGCAGCGGCGCGTGGGGCCTGCTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CTGCGCCGCGTGGGCGATGATGTGCTGGTGCATCTGCTGGCGCGCTGCGCGCTGTTTGTG 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CTGGTGGCGCCGAGCTGCGCGTATCAGGTGTGCGGCCCGCCGCTGTATCAGCTGGGCGCG 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCGACCCAGGCGCGCCCGCCGCCGCATGCGAGCGGCCCGCGCCGCCGCCTGGGCTGCGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CGCGCGTGGAACCATAGCGTGCGCGAAGCGGGCGTGCCGCTGGGCCTGCCGGCGCCGGGC 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCGCGCCGCCGCGGCGGCAGCGCGAGCCGCAGCCTGCCGCTGCCGAAACGCCCGCGCCGC 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGCGCGGCGCCGGAACCGGAACGCACCCCGGTGGGCCAGGGCAGCTGGGCGCATCCGGGC 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 CGCACCCGCGGCCCGAGCGATCGCGGCTTTTGCGTGGTGAGCCCGGCGCGCCCGGCGGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCGACCAGCCTGGAAGGCGCGCTGAGCGGCACCCGCCATAGCCATCCGAGCGTGGGC 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CGCCAGCATCATGCGGGCCCGCCGAGCACCAGCCGCCCGCCGCGCCCGTGGGATACCCCG 960

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGCCCGCCGGTGTATGCGGAAACCAAACATTTTCTGTATAGCAGCGGCGATAAAGAACAG 1020

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CTGCGCCCGAGCTTTCTGCTGAGCAGCCTGCGCCCGAGCCTGACCGGCGCGCGCCGCCTG 1080

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTGGAAACCATTTTTCTGGGCAGCCGCCCGTGGATGCCGGGCACCCCGCGCCGCCTGCCG 1140

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 CGCCTGCCGCAGCGCTATTGGCAGATGCGCCCGCTGTTTCTGGAACTGCTGGGCAACCAT 1200

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCGCAGTGCCCGTATGGCGTGCTGCTGAAAACCCATTGCCCGCTGCGCGCGGCGGTGACC 1260

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 CCGGCGGCGGGCGTGTGCGCGCGCGAAAAACCGCAGGGCAGCGTGGCGGCGCCGGAAGAA 1320

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       1321 GAAGATACCGATCCGCGCCGCCTGGTGCAGCTGCTGCGCCAGCATAGCAGCCCGTGGCAG 1380

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GTGTATGGCTTTGTGCGCGCGTGCCTGCGCCGCCTGGTGCCGCCGGGCCTGTGGGGCAGC 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGCCATAACGAACGCCGCTTTCTGCGCAACACCAAAAAATTTATTAGCCTGGGCAAACAT 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GCGAAACTGAGCCTGCAGGAACTGACCTGGAAAATGAGCGTGCGCGATTGCGCGTGGCTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CGCCGCAGCCCGGGCGTGGGCTGCGTGCCGGCGGCGGAACATCGCCTGCGCGAAGAAATT 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 CTGGCGAAATTTCTGCATTGGCTGATGAGCGTGTATGTGGTGGAACTGCTGCGCAGCTTT 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TTTTATGTGACCGAAACCACCTTTCAGAAAAACCGCCTGTTTTTTTATCGCAAAAGCGTG 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGGAGCAAACTGCAGAGCATTGGCATTCGCCAGCATCTGAAACGCGTGCAGCTGCGCGAA 1800

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CTGAGCGAAGCGGAAGTGCGCCAGCATCGCGAAGCGCGCCCGGCGCTGCTGACCAGCCGC 1860

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 CTGCGCTTTATTCCGAAACCGGATGGCCTGCGCCCGATTGTGAACATGGATTATGTGGTG 1920

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 GGCGCGCGCACCTTTCGCCGCGAAAAACGCGCGGAACGCCTGACCAGCCGCGTGAAAGCG 1980

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CTGTTTAGCGTGCTGAACTATGAACGCGCGCGCCGCCCGGGCCTGCTGGGCGCGAGCGTG 2040

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CTGGGCCTGGATGATATTCATCGCGCGTGGCGCACCTTTGTGCTGCGCGTGCGCGCGCAG 2100

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 GATCCGCCGCCGGAACTGTATTTTGTGAAAGTGGATGTGACCGGCGCGTATGATACCATT 2160

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 CCGCAGGATCGCCTGACCGAAGTGATTGCGAGCATTATTAAACCGCAGAACACCTATTGC 2220

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GTGCGCCGCTATGCGGTGGTGCAGAAAGCGGCGCATGGCCATGTGCGCAAAGCGTTTAAA 2280

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 AGCCATGTGAGCACCCTGACCGATCTGCAGCCGTATATGCGCCAGTTTGTGGCGCATCTG 2340

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CAGGAAACCAGCCCGCTGCGCGATGCGGTGGTGATTGAACAGAGCAGCAGCCTGAACGAA 2400

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GCGAGCAGCGGCCTGTTTGATGTGTTTCTGCGCTTTATGTGCCATCATGCGGTGCGCATT 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CGCGGCAAAAGCTATGTGCAGTGCCAGGGCATTCCGCAGGGCAGCATTCTGAGCACCCTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CTGTGCAGCCTGTGCTATGGCGATATGGAAAACAAACTGTTTGCGGGCATTCGCCGCGAT 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 GGCCTGCTGCTGCGCCTGGTGGATGATTTTCTGCTGGTGACCCCGCATCTGACCCATGCG 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AAAACCTTTCTGCGCACCCTGGTGCGCGGCGTGCCGGAATATGGCTGCGTGGTGAACCTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CGCAAAACCGTGGTGAACTTTCCGGTGGAAGATGAAGCGCTGGGCGGCACCGCGTTTGTG 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CAGATGCCGGCGCATGGCCTGTTTCCGTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGCACCCTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAAGTGCAGAGCGATTATAGCAGCTATGCGCGCACCAGCATTCGCGCGAGCCTGACCTTT 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 AACCGCGGCTTTAAAGCGGGCCGCAACATGCGCCGCAAACTGTTTGGCGTGCTGCGCCTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AAATGCCATAGCCTGTTTCTGGATCTGCAGGTGAACAGCCTGCAGACCGTGTGCACCAAC 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATTTATAAAATTCTGCTGCTGCAGGCGTATCGCTTTCATGCGTGCGTGCTGCAGCTGCCG 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTTCATCAGCAGGTGTGGAAAAACCCGACCTTTTTTCTGCGCGTGATTAGCGATACCGCG 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 AGCCTGTGCTATAGCATTCTGAAAGCGAAAAACGCGGGCATGAGCCTGGGCGCGAAAGGC 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCGGCGGGCCCGCTGCCGAGCGAAGCGGTGCAGTGGCTGTGCCATCAGGCGTTTCTGCTG 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAACTGACCCGCCATCGCGTGACCTATGTGCCGCTGCTGGGCAGCCTGCGCACCGCGCAG 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACCCAGCTGAGCCGCAAACTGCCGGGCACCACCCTGACCGCGCTGGAAGCGGCGGCGAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCGGCGCTGCCGAGCGATTTTAAAACCATTCTGGAT 3396
```

RESULT 2
US-08-974-549A-639
; Sequence 639, Application US/08974549A
; Patent No. 6166178
; GENERAL INFORMATION:
;   APPLICANT: Cech, Thomas R.
;   APPLICANT: Lingner, Joachim
;   APPLICANT: Nakamura, Toru

```
;    APPLICANT:  Chapman, Karen B.
;    APPLICANT:  Morin, Gregg B.
;    APPLICANT:  Harley, Calvin B.
;    APPLICANT:  Andrews, William H.
;    TITLE OF INVENTION:  Human Telomerase Catalytic Subunit
;    NUMBER OF SEQUENCES:  727
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  94111-3834
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/974,549A
;      FILING DATE:  19-NOV-1997
;      CLASSIFICATION:  536
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;      FILING DATE:  01-OCT-1996
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;      FILING DATE:  18-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;      FILING DATE:  25-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/851,843
;      FILING DATE:  06-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/854,050
;      FILING DATE:  09-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/911,312
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/912,951
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/915,503
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17618
;      FILING DATE:  01-OCT-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17885
;      FILING DATE:  01-OCT-1997
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Apple, Randolph Ted
;      REGISTRATION NUMBER:  36,429
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  015389-002610US
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  (415) 576-0200
;      TELEFAX:  (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  639:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  3396 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  DNA
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  1..3396
;      OTHER INFORMATION:  /note= "hTRT-encoding sequence employing
;      OTHER INFORMATION:  alternative codon distributions for
;      OTHER INFORMATION:  enteric bacteria (high expressing
;      OTHER INFORMATION:  genes)"
```

```
US-08-974-549A-639

Alignment Scores:
Pred. No.:              0             Length:        3396
Score:                  5961.00       Matches:       1132
Percent Similarity:     100.00%       Conservative:  0
Best Local Similarity:  100.00%       Mismatches:    0
Query Match:            100.00%       Indels:        0
DB:                     3             Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-08-974-549A-639 (1-3396)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCGCGTGCTCCGCGTTGCCGTGCTGTTCGTTCCCTGCTGCGTTCCCACTACCGTGAA 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTTCTGCCGCTGGCTACCTTCGTTCGTCGTCTGGGTCCGCAGGGTTGGCGTCTGGTTCAG 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CGTGGTGACCCGGCTGCTTTCCGTGCTCTGGTTGCTCAGTGCCTGGTTTGCGTTCCGTGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GACGCTCGTCCGCCGCCGGCTGCTCCGTCCTTCCGTCAGGTTTCCTGCCTGAAAGAACTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTTGCTCGTGTTCTGCAGCGTCTGTGCGAACGTGGTGCTAAAAACGTTCTGGCTTTCGGT 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTCGCTCTGCTGGACGGTGCTCGTGGTGGTCCGCCGGAAGCTTTCACCACCTCCGTTCGT 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 TCCTACCTGCCGAACACCGTTACCGACGCTCTGCGTGGTTCCGGTGCTTGGGGTCTGCTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CTGCGTCGTGTTGGTGACGACGTTCTGGTTCACCTGCTGGCTCGTTGCGCTCTGTTCGTT 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CTGGTTGCTCCGTCCTGCGCTTACCAGGTTTGCGGTCCGCCGCTGTACCAGCTGGGTGCT 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCTACCCAGGCTCGTCCGCCGCCGCACGCTTCCGGTCCGCGTCGTCGTCTGGGTTGCGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CGTGCTTGGAACCACTCCGTTCGTGAAGCTGGTGTTCCGCTGGGTCTGCCGGCTCCGGGT 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCTCGTCGTCGTGGTGGTTCCGCTTCCCGTTCCCTGCCGCTGCCGAAACGTCCGCGTCGT 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGTGCTGCTCCGGAACCGGAACGTACCCCGGTTGGTCAGGGTTCCTGGGCTCACCCGGGT 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 CGTACCCGTGGTCCGTCCGACCGTGGTTTCTGCGTTGTTTCCCCGGCTCGTCCGGCTGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCTACCTCCCTGGAAGGTGCTCTGTCCGGTACCCGTCACTCCCACCCGTCCGTTGGT 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       901 CGTCAGCACCACGCTGGTCCGCCGTCCACCTCCCGTCCGCCGCGTCCGTGGGACACCCCG 960

Qy       321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       961 TGCCCGCCGGTTTACGCTGAAACCAAACACTTCCTGTACTCCTCCGGTGACAAAGAACAG 1020

Qy       341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1021 CTGCGTCCGTCCTTCCTGCTGTCCTCCCTGCGTCCGTCCCTGACCGGTGCTCGTCGTCTG 1080

Qy       361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1081 GTTGAAACCATCTTCCTGGGTTCCCGTCCGTGGATGCCGGGTACCCCGCGTCGTCTGCCG 1140

Qy       381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1141 CGTCTGCCGCAGCGTTACTGGCAGATGCGTCCGCTGTTCCTGGAACTGCTGGGTAACCAC 1200

Qy       401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1201 GCTCAGTGCCCGTACGGTGTTCTGCTGAAAACCCACTGCCCGCTGCGTGCTGCTGTTACC 1260

Qy       421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1261 CCGGCTGCTGGTGTTTGCGCTCGTGAAAAACCGCAGGGTTCCGTTGCTGCTCCGGAAGAA 1320

Qy       441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1321 GAAGACACCGACCCGCGTCGTCTGGTTCAGCTGCTGCGTCAGCACTCCTCCCCGTGGCAG 1380

Qy       461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1381 GTTTACGGTTTCGTTCGTGCTTGCCTGCGTCGTCTGGTTCCGCCGGGTCTGTGGGGTTCC 1440

Qy       481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1441 CGTCACAACGAACGTCGTTTCCTGCGTAACACCAAAAAATTCATCTCCCTGGGTAAACAC 1500

Qy       501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1501 GCTAAACTGTCCCTGCAGGAACTGACCTGGAAAATGTCCGTTCGTGACTGCGCTTGGCTG 1560

Qy       521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1561 CGTCGTTCCCCGGGTGTTGGTTGCGTTCCGGCTGCTGAACACCGTCTGCGTGAAGAAATC 1620

Qy       541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1621 CTGGCTAAATTCCTGCACTGGCTGATGTCCGTTTACGTTGTTGAACTGCTGCGTTCCTTC 1680

Qy       561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1681 TTCTACGTTACCGAAACCACCTTCCAGAAAAACCGTCTGTTCTTCTACCGTAAATCCGTT 1740

Qy       581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1741 TGGTCCAAACTGCAGTCCATCGGTATCCGTCAGCACCTGAAACGTGTTCAGCTGCGTGAA 1800

Qy       601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1801 CTGTCCGAAGCTGAAGTTCGTCAGCACCGTGAAGCTCGTCCGGCTCTGCTGACCTCCCGT 1860

Qy       621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1861 CTGCGTTTCATCCCGAAACCGGACGGTCTGCGTCCGATCGTTAACATGGACTACGTTGTT 1920

Qy       641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1921 GGTGCTCGTACCTTCCGTCGTGAAAAACGTGCTGAACGTCTGACCTCCCGTGTTAAAGCT 1980

Qy       661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1981 CTGTTCTCCGTTCTGAACTACGAACGTGCTCGTCGTCCGGGTCTGCTGGGTGCTTCCGTT 2040

Qy       681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2041 CTGGGTCTGGACGACATCCACCGTGCTTGGCGTACCTTCGTTCTGCGTGTTCGTGCTCAG 2100

Qy       701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2101 GACCCGCCGCCGGAACTGTACTTCGTTAAAGTTGACGTTACCGGTGCTTACGACACCATC 2160

Qy       721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2161 CCGCAGGACCGTCTGACCGAAGTTATCGCTTCCATCATCAAACCGCAGAACACCTACTGC 2220

Qy       741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2221 GTTCGTCGTTACGCTGTTGTTCAGAAAGCTGCTCACGGTCACGTTCGTAAAGCTTTCAAA 2280

Qy       761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2281 TCCCACGTTTCCACCCTGACCGACCTGCAGCCGTACATGCGTCAGTTCGTTGCTCACCTG 2340

Qy       781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2341 CAGGAAACCTCCCCGCTGCGTGACGCTGTTGTTATCGAACAGTCCTCCTCCCTGAACGAA 2400

Qy       801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2401 GCTTCCTCCGGTCTGTTCGACGTTTTCCTGCGTTTCATGTGCCACCACGCTGTTCGTATC 2460

Qy       821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2461 CGTGGTAAATCCTACGTTCAGTGCCAGGGTATCCCGCAGGGTTCCATCCTGTCCACCCTG 2520

Qy       841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2521 CTGTGCTCCCTGTGCTACGGTGACATGGAAAACAAACTGTTCGCTGGTATCCGTCGTGAC 2580

Qy       861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2581 GGTCTGCTGCTGCGTCTGGTTGACGACTTCCTGCTGGTTACCCCGCACCTGACCCACGCT 2640

Qy       881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2641 AAAACCTTCCTGCGTACCCTGGTTCGTGGTGTTCCGGAATACGGTTGCGTTGTTAACCTG 2700

Qy       901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2701 CGTAAAACCGTTGTTAACTTCCCGGTTGAAGACGAAGCTCTGGGTGGTACCGCTTTCGTT 2760

Qy       921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2761 CAGATGCCGGCTCACGGTCTGTTCCCGTGGTGCGGTCTGCTGCTGGACACCCGTACCCTG 2820

Qy       941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2821 GAAGTTCAGTCCGACTACTCCTCCTACGCTCGTACCTCCATCCGTGCTTCCCTGACCTTC 2880

Qy       961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2881 AACCGTGGTTTCAAAGCTGGTCGTAACATGCGTCGTAAACTGTTCGGTGTTCTGCGTCTG 2940

Qy       981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2941 AAATGCCACTCCCTGTTCCTGGACCTGCAGGTTAACTCCCTGCAGACCGTTTGCACCAAC 3000

Qy      1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3001 ATCTACAAAATCCTGCTGCTGCAGGCTTACCGTTTCCACGCTTGCGTTCTGCAGCTGCCG 3060

Qy      1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3061 TTCCACCAGCAGGTTTGGAAAAACCCGACCTTCTTCCTGCGTGTTATCTCCGACACCGCT 3120
```

```
Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCCCTGTGCTACTCCATCCTGAAAGCTAAAAACGCTGGTATGTCCCTGGGTGCTAAAGGT 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCTGCTGGTCCGCTGCCGTCCGAAGCTGTTCAGTGGCTGTGCCACCAGGCTTTCCTGCTG 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAACTGACCCGTCACCGTGTTACCTACGTTCCGCTGCTGGGTTCCCTGCGTACCGCTCAG 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACCCAGCTGTCCCGTAAACTGCCGGGTACCACCCTGACCGCTCTGGAAGCTGCTGCTAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCGGCTCTGCCGTCCGACTTCAAAACCATCCTGGAC 3396

RESULT 3
US-08-974-549A-640
; Sequence 640, Application US/08974549A
; Patent No. 6166178
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Cech, Thomas R.
;    APPLICANT:  Lingner, Joachim
;    APPLICANT:  Nakamura, Toru
;    APPLICANT:  Chapman, Karen B.
;    APPLICANT:  Morin, Gregg B.
;    APPLICANT:  Harley, Calvin B.
;    APPLICANT:  Andrews, William H.
;    TITLE OF INVENTION:  Human Telomerase Catalytic Subunit
;    NUMBER OF SEQUENCES:  727
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  94111-3834
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/974,549A
;      FILING DATE:  19-NOV-1997
;      CLASSIFICATION:  536
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;      FILING DATE:  01-OCT-1996
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;      FILING DATE:  18-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;      FILING DATE:  25-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/851,843
;      FILING DATE:  06-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/854,050
;      FILING DATE:  09-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/911,312
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/912,951
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/915,503
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17618
;      FILING DATE:  01-OCT-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17885
;      FILING DATE:  01-OCT-1997
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Apple, Randolph Ted
;      REGISTRATION NUMBER:  36,429
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  015389-002610US
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  (415) 576-0200
;      TELEFAX:  (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  640:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  3396 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  DNA
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  1..3396
;      OTHER INFORMATION:  /note= "hTRT-encoding sequence employing
;      OTHER INFORMATION:  alternative codon distributions for
;      OTHER INFORMATION:  yeast (all genes)"
US-08-974-549A-640

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:        3396
Score:                  5961.00        Matches:       1132
Percent Similarity:     100.00%        Conservative:  0
Best Local Similarity:  100.00%        Mismatches:    0
Query Match:            100.00%        Indels:        0
DB:                     3              Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-08-974-549A-640 (1-3396)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCAAGAGCTCCAAGATGTAGAGCTGTTAGATCTTTGTTGAGATCTCATTATAGAGAA 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTTTTGCCATTGGCTACTTTTGTTAGAAGATTGGGTCCACAAGGTTGGAGATTGGTTCAA 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 AGAGGTGATCCAGCTGCTTTTAGAGCTTTGGTTGCTCAATGTTTGGTTTGTGTTCCATGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GATGCTAGACCACCACCAGCTGCTCCATCTTTTAGACAAGTTTCTTGTTTGAAAGAATTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTTGCTAGAGTTTTGCAAAGATTGTGTGAAAGAGGTGCTAAAAATGTTTTGGCTTTTGGT 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTTGCTTTGTTGGATGGTGCTAGAGGTGGTCCACCAGAAGCTTTTACTACTTCTGTTAGA 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 TCTTATTTGCCAAATACTGTTACTGATGCTTTGAGAGGTTCTGGTGCTTGGGGTTTGTTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 TTGAGAAGAGTTGGTGATGATGTTTTGGTTCATTTGTTGGCTAGATGTGCTTTGTTTGTT 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 TTGGTTGCTCCATCTTGTGCTTATCAAGTTTGTGGTCCACCATTGTATCAATTGGGTGCT 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCTACTCAAGCTAGACCACCACCACATGCTTCTGGTCCAAGAAGAAGATTGGGTTGTGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 AGAGCTTGGAATCATTCTGTTAGAGAAGCTGGTGTTCCATTGGGTTTGCCAGCTCCAGGT 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCTAGAAGAAGAGGTGGTTCTGCTTCTAGATCTTTGCCATTGCCAAAAAGACCAAGAAGA 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGTGCTGCTCCAGAACCAGAAAGAACTCCAGTTGGTCAAGGTTCTTGGGCTCATCCAGGT 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AGAACTAGAGGTCCATCTGATAGAGGTTTTTGTGTTGTTTCTCCAGCTAGACCAGCTGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCTACTTCTTTGGAAGGTGCTTTGTCTGGTACTAGACATTCTCATCCATCTGTTGGT 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 AGACAACATCATGCTGGTCCACCATCTACTTCTAGACCACCAAGACCATGGGATACTCCA 960

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGTCCACCAGTTTATGCTGAAACTAAACATTTTTTGTATTCTTCTGGTGATAAAGAACAA 1020

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 TTGAGACCATCTTTTTTGTTGTCTTCTTTGAGACCATCTTTGACTGGTGCTAGAAGATTG 1080

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTTGAAACTATTTTTTTGGGTTCTAGACCATGGATGCCAGGTACTCCAAGAAGATTGCCA 1140

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 AGATTGCCACAAAGATATTGGCAAATGAGACCATTGTTTTTGGAATTGTTGGGTAATCAT 1200

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCTCAATGTCCATATGGTGTTTTGTTGAAAACTCATTGTCCATTGAGAGCTGCTGTTACT 1260

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 CCAGCTGCTGGTGTTTGTGCTAGAGAAAAACCACAAGGTTCTGTTGCTGCTCCAGAAGAA 1320

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GAAGATACTGATCCAAGAAGATTGGTTCAATTGTTGAGACAACATTCTTCTCCATGGCAA 1380

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GTTTATGGTTTTGTTAGAGCTTGTTTGAGAAGATTGGTTCCACCAGGTTTGTGGGGTTCT 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 AGACATAATGAAAGAAGATTTTTGAGAAATACTAAAAAATTTATTTCTTTGGGTAAACAT 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GCTAAATTGTCTTTGCAAGAATTGACTTGGAAAATGTCTGTTAGAGATTGTGCTTGGTTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 AGAAGATCTCCAGGTGTTGGTTGTGTTCCAGCTGCTGAACATAGATTGAGAGAAGAAATT 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 TTGGCTAAATTTTTGCATTGGTTGATGTCTGTTTATGTTGTTGAATTGTTGAGATCTTTT 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TTTTATGTTACTGAAACTACTTTTCAAAAAAATAGATTGTTTTTTTATAGAAAATCTGTT 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGGTCTAAATTGCAATCTATTGGTATTAGACAACATTTGAAAAGAGTTCAATTGAGAGAA 1800

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 TTGTCTGAAGCTGAAGTTAGACAACATAGAGAAGCTAGACCAGCTTTGTTGACTTCTAGA 1860

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 TTGAGATTTATTCCAAAACCAGATGGTTTGAGACCAATTGTTAATATGGATTATGTTGTT 1920

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 GGTGCTAGAACTTTTAGAAGAGAAAAAAGAGCTGAAAGATTGACTTCTAGAGTTAAAGCT 1980

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 TTGTTTTCTGTTTTGAATTATGAAAGAGCTAGAAGACCAGGTTTGTTGGGTGCTTCTGTT 2040

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 TTGGGTTTGGATGATATTCATAGAGCTTGGAGAACTTTTGTTTTGAGAGTTAGAGCTCAA 2100

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 GATCCACCACCAGAATTGTATTTTGTTAAAGTTGATGTTACTGGTGCTTATGATACTATT 2160

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 CCACAAGATAGATTGACTGAAGTTATTGCTTCTATTATTAAACCACAAAATACTTATTGT 2220

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GTTAGAAGATATGCTGTTGTTCAAAAAGCTGCTCATGGTCATGTTAGAAAAGCTTTTAAA 2280

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCTCATGTTTCTACTTTGACTGATTTGCAACCATATATGAGACAATTTGTTGCTCATTTG 2340

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CAAGAAACTTCTCCATTGAGAGATGCTGTTGTTATTGAACAATCTTCTTCTTTGAATGAA 2400

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GCTTCTTCTGGTTTGTTTGATGTTTTTTTGAGATTTATGTGTCATCATGCTGTTAGAATT 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 AGAGGTAAATCTTATGTTCAATGTCAAGGTATTCCACAAGGTTCTATTTTGTCTACTTTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 TTGTGTTCTTTGTGTTATGGTGATATGGAAAATAAATTGTTTGCTGGTATTAGAAGAGAT 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 GGTTTGTTGTTGAGATTGGTTGATGATTTTTTGTTGGTTACTCCACATTTGACTCATGCT 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AAAACTTTTTTGAGAACTTTGGTTAGAGGTGTTCCAGAATATGGTTGTGTTGTTAATTTG 2700
```

```
Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 AGAAAAACTGTTGTTAATTTTCCAGTTGAAGATGAAGCTTTGGGTGGTACTGCTTTTGTT 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CAAATGCCAGCTCATGGTTTGTTTCCATGGTGTGGTTTGTTGTTGGATACTAGAACTTTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAAGTTCAATCTGATTATTCTTCTTATGCTAGAACTTCTATTAGAGCTTCTTTGACTTTT 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 AATAGAGGTTTTAAAGCTGGTAGAAATATGAGAAGAAAATTGTTTGGTGTTTTGAGATTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AAATGTCATTCTTTGTTTTTGGATTTGCAAGTTAATTCTTTGCAAACTGTTTGTACTAAT 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATTTATAAAATTTTGTTGTTGCAAGCTTATAGATTTCATGCTTGTGTTTTGCAATTGCCA 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTTCATCAACAAGTTTGGAAAAATCCAACTTTTTTTTTGAGAGTTATTTCTGATACTGCT 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCTTTGTGTTATTCTATTTTGAAAGCTAAAAATGCTGGTATGTCTTTGGGTGCTAAAGGT 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCTGCTGGTCCATTGCCATCTGAAGCTGTTCAATGGTTGTGTCATCAAGCTTTTTTGTTG 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAATTGACTAGACATAGAGTTACTTATGTTCCATTGTTGGGTTCTTTGAGAACTGCTCAA 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACTCAATTGTCTAGAAAATTGCCAGGTACTACTTTGACTGCTTTGGAAGCTGCTGCTAAT 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCAGCTTTGCCATCTGATTTTAAAACTATTTTGGAT 3396
```

```
RESULT 4
US-08-974-549A-641
; Sequence 641, Application US/08974549A
; Patent No. 6166178
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Cech, Thomas R.
;    APPLICANT:  Lingner, Joachim
;    APPLICANT:  Nakamura, Toru
;    APPLICANT:  Chapman, Karen B.
;    APPLICANT:  Morin, Gregg B.
;    APPLICANT:  Harley, Calvin B.
;    APPLICANT:  Andrews, William H.
;    TITLE OF INVENTION:  Human Telomerase Catalytic Subunit
;    NUMBER OF SEQUENCES:  727
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  94111-3834
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/974,549A
;      FILING DATE:  19-NOV-1997
;      CLASSIFICATION:  536
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;      FILING DATE:  01-OCT-1996
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;      FILING DATE:  18-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;      FILING DATE:  25-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/851,843
;      FILING DATE:  06-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/854,050
;      FILING DATE:  09-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/911,312
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/912,951
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/915,503
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17618
;      FILING DATE:  01-OCT-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17885
;      FILING DATE:  01-OCT-1997
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Apple, Randolph Ted
;      REGISTRATION NUMBER:  36,429
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  015389-002610US
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  (415) 576-0200
;      TELEFAX:  (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  641:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  3396 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  DNA
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  1..3396
;      OTHER INFORMATION:  /note= "hTRT-encoding sequence employing
;      OTHER INFORMATION:  alternative codon distributions for
;      OTHER INFORMATION:  yeast (high expressing genes)"
US-08-974-549A-641

Alignment Scores:
Pred. No.:              0               Length:        3396
Score:                  5961.00         Matches:       1132
Percent Similarity:     100.00%         Conservative:  0
Best Local Similarity:  100.00%         Mismatches:    0
Query Match:            100.00%         Indels:        0
DB:                     3               Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-08-974-549A-641 (1-3396)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCAAGAGCTCCAAGATGTAGAGCTGTTAGATCTTTGTTGAGATCTCACTACAGAGAA 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTTTTGCCATTGGCTACTTTCGTTAGAAGATTGGGTCCACAAGGTTGGAGATTGGTTCAA 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 AGAGGTGACCCAGCTGCTTTCAGAGCTTTGGTTGCTCAATGTTTGGTTTGTGTTCCATGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GACGCTAGACCACCACCAGCTGCTCCATCTTTCAGACAAGTTTCTTGTTTGAAGGAATTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTTGCTAGAGTTTTGCAAAGATTGTGTGAAAGAGGTGCTAAGAACGTTTTGGCTTTCGGT 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTCGCTTTGTTGGACGGTGCTAGAGGTGGTCCACCAGAAGCTTTCACTACTTCTGTTAGA 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 TCTTACTTGCCAAACACTGTTACTGACGCTTTGAGAGGTTCTGGTGCTTGGGGTTTGTTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 TTGAGAAGAGTTGGTGACGACGTTTTGGTTCACTTGTTGGCTAGATGTGCTTTGTTCGTT 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 TTGGTTGCTCCATCTTGTGCTTACCAAGTTTGTGGTCCACCATTGTACCAATTGGGTGCT 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCTACTCAAGCTAGACCACCACCACACGCTTCTGGTCCAAGAAGAAGATTGGGTTGTGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 AGAGCTTGGAACCACTCTGTTAGAGAAGCTGGTGTTCCATTGGGTTTGCCAGCTCCAGGT 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCTAGAAGAAGAGGTGGTTCTGCTTCTAGATCTTTGCCATTGCCAAAGAGACCAAGAAGA 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGTGCTGCTCCAGAACCAGAAAGAACTCCAGTTGGTCAAGGTTCTTGGGCTCACCCAGGT 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AGAACTAGAGGTCCATCTGACAGAGGTTTCTGTGTTGTTTCTCCAGCTAGACCAGCTGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCTACTTCTTTGGAAGGTGCTTTGTCTGGTACTAGACACTCTCACCCATCTGTTGGT 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 AGACAACACCACGCTGGTCCACCATCTACTTCTAGACCACCAAGACCATGGGACACTCCA 960

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGTCCACCAGTTTACGCTGAAACTAAGCACTTCTTGTACTCTTCTGGTGACAAGGAACAA 1020

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 TTGAGACCATCTTTCTTGTTGTCTTCTTTGAGACCATCTTTGACTGGTGCTAGAAGATTG 1080

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTTGAAACTATTTTCTTGGGTTCTAGACCATGGATGCCAGGTACTCCAAGAAGATTGCCA 1140

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 AGATTGCCACAAAGATACTGGCAAATGAGACCATTGTTCTTGGAATTGTTGGGTAACCAC 1200

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCTCAATGTCCATACGGTGTTTTGTTGAAGACTCACTGTCCATTGAGAGCTGCTGTTACT 1260

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 CCAGCTGCTGGTGTTTGTGCTAGAGAAAAGCCACAAGGTTCTGTTGCTGCTCCAGAAGAA 1320

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GAAGACACTGACCCAAGAAGATTGGTTCAATTGTTGAGACAACACTCTTCTCCATGGCAA 1380

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GTTTACGGTTTCGTTAGAGCTTGTTTGAGAAGATTGGTTCCACCAGGTTTGTGGGGTTCT 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 AGACACAACGAAAGAAGATTCTTGAGAAACACTAAGAAGTTCATTTCTTTGGGTAAGCAC 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GCTAAGTTGTCTTTGCAAGAATTGACTTGGAAGATGTCTGTTAGAGACTGTGCTTGGTTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 AGAAGATCTCCAGGTGTTGGTTGTGTTCCAGCTGCTGAACACAGATTGAGAGAAGAAATT 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 TTGGCTAAGTTCTTGCACTGGTTGATGTCTGTTTACGTTGTTGAATTGTTGAGATCTTTC 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TTCTACGTTACTGAAACTACTTTCCAAAAGAACAGATTGTTCTTCTACAGAAAGTCTGTT 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGGTCTAAGTTGCAATCTATTGGTATTAGACAACACTTGAAGAGAGTTCAATTGAGAGAA 1800

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 TTGTCTGAAGCTGAAGTTAGACAACACAGAGAAGCTAGACCAGCTTTGTTGACTTCTAGA 1860

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 TTGAGATTCATTCCAAAGCCAGACGGTTTGAGACCAATTGTTAACATGGACTACGTTGTT 1920

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 GGTGCTAGAACTTTCAGAAGAGAAAAGAGAGCTGAAAGATTGACTTCTAGAGTTAAGGCT 1980

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 TTGTTCTCTGTTTTGAACTACGAAAGAGCTAGAAGACCAGGTTTGTTGGGTGCTTCTGTT 2040

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 TTGGGTTTGGACGACATTCACAGAGCTTGGAGAACTTTCGTTTTGAGAGTTAGAGCTCAA 2100

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 GACCCACCACCAGAATTGTACTTCGTTAAGGTTGACGTTACTGGTGCTTACGACACTATT 2160

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 CCACAAGACAGATTGACTGAAGTTATTGCTTCTATTATTAAGCCACAAAACACTTACTGT 2220

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GTTAGAAGATACGCTGTTGTTCAAAAGGCTGCTCACGGTCACGTTAGAAAGGCTTTCAAG 2280
```

```
Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCTCACGTTTCTACTTTGACTGACTTGCAACCATACATGAGACAATTCGTTGCTCACTTG 2340

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CAAGAAACTTCTCCATTGAGAGACGCTGTTGTTATTGAACAATCTTCTTCTTTGAACGAA 2400

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GCTTCTTCTGGTTTGTTCGACGTTTTCTTGAGATTCATGTGTCACCACGCTGTTAGAATT 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 AGAGGTAAGTCTTACGTTCAATGTCAAGGTATTCCACAAGGTTCTATTTTGTCTACTTTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 TTGTGTTCTTTGTGTTACGGTGACATGGAAAACAAGTTGTTCGCTGGTATTAGAAGAGAC 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 GGTTTGTTGTTGAGATTGGTTGACGACTTCTTGTTGGTTACTCCACACTTGACTCACGCT 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AAGACTTTCTTGAGAACTTTGGTTAGAGGTGTTCCAGAATACGGTTGTGTTGTTAACTTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 AGAAAGACTGTTGTTAACTTCCCAGTTGAAGACGAAGCTTTGGGTGGTACTGCTTTCGTT 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CAAATGCCAGCTCACGGTTTGTTCCCATGGTGTGGTTTGTTGTTGGACACTAGAACTTTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAAGTTCAATCTGACTACTCTTCTTACGCTAGAACTTCTATTAGAGCTTCTTTGACTTTC 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 AACAGAGGTTTCAAGGCTGGTAGAAACATGAGAAGAAAGTTGTTCGGTGTTTTGAGATTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AAGTGTCACTCTTTGTTCTTGGACTTGCAAGTTAACTCTTTGCAAACTGTTTGTACTAAC 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATTTACAAGATTTTGTTGTTGCAAGCTTACAGATTCCACGCTTGTGTTTTGCAATTGCCA 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTCCACCAACAAGTTTGGAAGAACCCAACTTTCTTCTTGAGAGTTATTTCTGACACTGCT 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCTTTGTGTTACTCTATTTTGAAGGCTAAGAACGCTGGTATGTCTTTGGGTGCTAAGGGT 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCTGCTGGTCCATTGCCATCTGAAGCTGTTCAATGGTTGTGTCACCAAGCTTTCTTGTTG 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAGTTGACTAGACACAGAGTTACTTACGTTCCATTGTTGGGTTCTTTGAGAACTGCTCAA 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACTCAATTGTCTAGAAAGTTGCCAGGTACTACTTTGACTGCTTTGGAAGCTGCTGCTAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCAGCTTTGCCATCTGACTTCAAGACTATTTTGGAC 3396

RESULT 5
US-08-974-549A-642
; Sequence 642, Application US/08974549A
; Patent No. 6166178
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Cech, Thomas R.
;    APPLICANT:  Lingner, Joachim
;    APPLICANT:  Nakamura, Toru
;    APPLICANT:  Chapman, Karen B.
;    APPLICANT:  Morin, Gregg B.
;    APPLICANT:  Harley, Calvin B.
;    APPLICANT:  Andrews, William H.
;    TITLE OF INVENTION:  Human Telomerase Catalytic Subunit
;    NUMBER OF SEQUENCES:  727
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  94111-3834
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/974,549A
;      FILING DATE:  19-NOV-1997
;      CLASSIFICATION:  536
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;      FILING DATE:  01-OCT-1996
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;      FILING DATE:  18-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;      FILING DATE:  25-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/851,843
;      FILING DATE:  06-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/854,050
;      FILING DATE:  09-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/911,312
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/912,951
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/915,503
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17618
;      FILING DATE:  01-OCT-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17885
;      FILING DATE:  01-OCT-1997
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Apple, Randolph Ted
;      REGISTRATION NUMBER:  36,429
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  015389-002610US
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  (415) 576-0200
;      TELEFAX:  (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  642:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
```

```
;       LENGTH:  3396 base pairs
;       TYPE:  nucleic acid
;       STRANDEDNESS:  single
;       TOPOLOGY:  linear
;     MOLECULE TYPE:  DNA
;     FEATURE:
;       NAME/KEY:  -
;       LOCATION:  1..3396
;       OTHER INFORMATION:  /note= ""generic" hTRT protein encoding
;       OTHER INFORMATION:  sequence"
US-08-974-549A-642

Alignment Scores:
Pred. No.:               0              Length:         3396
Score:                   5961.00        Matches:        1132
Percent Similarity:      100.00%        Conservative:   0
Best Local Similarity:   100.00%        Mismatches:     0
Query Match:             100.00%        Indels:         0
DB:                      3              Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-08-974-549A-642 (1-3396)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCACGTGCCCCACGTTGTCGTGCCGTTCGTTCTTTGTTGCGTTCTCACTACCGTGAA 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTTTTGCCATTGGCCACCTTCGTTCGTCGTTTGGGTCCACAAGGTTGGCGTTTGGTTCAA 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CGTGGTGATCCAGCCGCCTTCCGTGCCTTGGTTGCCCAATGTTTGGTTTGTGTTCCATGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GATGCCCGTCCACCACCAGCCGCCCCATCTTTCCGTCAAGTTTCTTGTTTGAAAGAATTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTTGCCCGTGTTTTGCAACGTTTGTGTGAACGTGGTGCCAAAAACGTTTTGGCCTTCGGT 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTCGCCTTGTTGGATGGTGCCCGTGGTGGTCCACCAGAAGCCTTCACCACCTCTGTTCGT 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 TCTTACTTGCCAAACACCGTTACCGATGCCTTGCGTGGTTCTGGTGCCTGGGGTTTGTTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 TTGCGTCGTGTTGGTGATGATGTTTTGGTTCACTTGTTGGCCCGTTGTGCCTTGTTCGTT 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 TTGGTTGCCCCATCTTGTGCCTACCAAGTTTGTGGTCCACCATTGTACCAATTGGGTGCC 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCCACCCAAGCCCGTCCACCACCACACGCCTCTGGTCCACGTCGTCGTTTGGGTTGTGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CGTGCCTGGAACCACTCTGTTCGTGAAGCCGGTGTTCCATTGGGTTTGCCAGCCCCAGGT 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCCCGTCGTCGTGGTGGTTCTGCCTCTCGTTCTTTGCCATTGCCAAAACGTCCACGTCGT 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGTGCCGCCCCAGAACCAGAACGTACCCCAGTTGGTCAAGGTTCTTGGGCCCACCCAGGT 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 CGTACCCGTGGTCCATCTGATCGTGGTTTCTGTGTTGTTTCTCCAGCCCGTCCAGCCGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCCACCTCTTTGGAAGGTGCCTTGTCTGGTACCCGTCACTCTCACCCATCTGTTGGT 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CGTCAACACCACGCCGGTCCACCATCTACCTCTCGTCCACCACGTCCATGGGATACCCCA 960

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGTCCACCAGTTTACGCCGAAACCAAACACTTCTTGTACTCTTCTGGTGATAAAGAACAA 1020

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 TTGCGTCCATCTTTCTTGTTGTCTTCTTTGCGTCCATCTTTGACCGGTGCCCGTCGTTTG 1080

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTTGAAACCATTTTCTTGGGTTCTCGTCCATGGATGCCAGGTACCCCACGTCGTTTGCCA 1140

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 CGTTTGCCACAACGTTACTGGCAAATGCGTCCATTGTTCTTGGAATTGTTGGGTAACCAC 1200

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCAATGTCCATACGGTGTTTTGTTGAAAACCCACTGTCCATTGCGTGCCGCCGTTACC 1260

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 CCAGCCGCCGGTGTTTGTGCCCGTGAAAAACCACAAGGTTCTGTTGCCGCCCCAGAAGAA 1320

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GAAGATACCGATCCACGTCGTTTGGTTCAATTGTTGCGTCAACACTCTTCTCCATGGCAA 1380

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GTTTACGGTTTCGTTCGTGCCTGTTTGCGTCGTTTGGTTCCACCAGGTTTGTGGGGTTCT 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGTCACAACGAACGTCGTTTCTTGCGTAACACCAAAAAATTCATTTCTTTGGGTAAACAC 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GCCAAATTGTCTTTGCAAGAATTGACCTGGAAAATGTCTGTTCGTGATTGTGCCTGGTTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CGTCGTTCTCCAGGTGTTGGTTGTGTTCCAGCCGCCGAACACCGTTTGCGTGAAGAAATT 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 TTGGCCAAATTCTTGCACTGGTTGATGTCTGTTTACGTTGTTGAATTGTTGCGTTCTTTC 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TTCTACGTTACCGAAACCACCTTCCAAAAAAACCGTTTGTTCTTCTACCGTAAATCTGTT 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGGTCTAAATTGCAATCTATTGGTATTCGTCAACACTTGAAACGTGTTCAATTGCGTGAA 1800

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 TTGTCTGAAGCCGAAGTTCGTCAACACCGTGAAGCCCGTCCAGCCTTGTTGACCTCTCGT 1860
```

```
Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
Db       1861 TTGCGTTTCATTCCAAAACCAGATGGTTTGCGTCCAATTGTTAACATGGATTACGTTGTT 1920

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
Db       1921 GGTGCCCGTACCTTCCGTCGTGAAAAACGTGCCGAACGTTTGACCTCTCGTGTTAAAGCC 1980

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
Db       1981 TTGTTCTCTGTTTTGAACTACGAACGTGCCCGTCGTCCAGGTTTGTTGGGTGCCTCTGTT 2040

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
Db       2041 TTGGGTTTGGATGATATTCACCGTGCCTGGCGTACCTTCGTTTTGCGTGTTCGTGCCCAA 2100

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
Db       2101 GATCCACCACCAGAATTGTACTTCGTTAAAGTTGATGTTACCGGTGCCTACGATACCATT 2160

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
Db       2161 CCACAAGATCGTTTGACCGAAGTTATTGCCTCTATTATTAAACCACAAAACACCTACTGT 2220

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
Db       2221 GTTCGTCGTTACGCCGTTGTTCAAAAAGCCGCCCACGGTCACGTTCGTAAAGCCTTCAAA 2280

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
Db       2281 TCTCACGTTTCTACCTTGACCGATTTGCAACCATACATGCGTCAATTCGTTGCCCACTTG 2340

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
Db       2341 CAAGAAACCTCTCCATTGCGTGATGCCGTTGTTATTGAACAATCTTCTTCTTTGAACGAA 2400

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
Db       2401 GCCTCTTCTGGTTTGTTCGATGTTTTCTTGCGTTTCATGTGTCACCACGCCGTTCGTATT 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
Db       2461 CGTGGTAAATCTTACGTTCAATGTCAAGGTATTCCACAAGGTTCTATTTTGTCTACCTTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
Db       2521 TTGTGTTCTTTGTGTTACGGTGATATGGAAAACAAATTGTTCGCCGGTATTCGTCGTGAT 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
Db       2581 GGTTTGTTGTTGCGTTTGGTTGATGATTTCTTGTTGGTTACCCCACACTTGACCCACGCC 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
Db       2641 AAAACCTTCTTGCGTACCTTGGTTCGTGGTGTTCCAGAATACGGTTGTGTTGTTAACTTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
Db       2701 CGTAAAACCGTTGTTAACTTCCCAGTTGAAGATGAAGCCTTGGGTGGTACCGCCTTCGTT 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
Db       2761 CAAATGCCAGCCCACGGTTTGTTCCCATGGTGTGGTTTGTTGTTGGATACCCGTACCTTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
Db       2821 GAAGTTCAATCTGATTACTCTTCTTACGCCCGTACCTCTATTCGTGCCTCTTTGACCTTC 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
Db       2881 AACCGTGGTTTCAAAGCCGGTCGTAACATGCGTCGTAAATTGTTCGGTGTTTTGCGTTTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
Db       2941 AAATGTCACTCTTTGTTCTTGGATTTGCAAGTTAACTCTTTGCAAACCGTTTGTACCAAC 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
Db       3001 ATTTACAAAATTTTGTTGTTGCAAGCCTACCGTTTCCACGCCTGTGTTTTGCAATTGCCA 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
Db       3061 TTCCACCAACAAGTTTGGAAAAACCCAACCTTCTTCTTGCGTGTTATTTCTGATACCGCC 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
Db       3121 TCTTTGTGTTACTCTATTTTGAAAGCCAAAAACGCCGGTATGTCTTTGGGTGCCAAAGGT 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
Db       3181 GCCGCCGGTCCATTGCCATCTGAAGCCGTTCAATGGTTGTGTCACCAAGCCTTCTTGTTG 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
Db       3241 AAATTGACCCGTCACCGTGTTACCTACGTTCCATTGTTGGGTTCTTTGCGTACCGCCCAA 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
Db       3301 ACCCAATTGTCTCGTAAATTGCCAGGTACCACCTTGACCGCCTTGGAAGCCGCCGCCAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
Db       3361 CCAGCCTTGCCATCTGATTTCAAAACCATTTTGGAT 3396
```

```
RESULT 6
US-09-721-456-638
; Sequence 638, Application US/09721456
; Patent No. 6617110
;  GENERAL INFORMATION:
;       APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                  Lingner, Joachim
;                  Nakamura, Toru
;                  Chapman, Karen B.
;                  Morin, Gregg B.
;                  Harley, Calvin B.
;                  Andrews, William H.
;       TITLE OF INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit
;       NUMBER OF SEQUENCES: 727
;       CORRESPONDENCE ADDRESS:
;            ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;            STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;            CITY: San Francisco
;            STATE: California
;            COUNTRY: USA
;            ZIP: 94111-3834
;       COMPUTER READABLE FORM:
;            MEDIUM TYPE: Floppy disk
;            COMPUTER: IBM PC compatible
;            OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;            SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;       CURRENT APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/09/721,456
;            FILING DATE: 22-No. 6617110-2000
;            CLASSIFICATION: <Unknown>
;       PRIOR APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/08/974,549A
;            FILING DATE: 19-NOV-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;            FILING DATE: 01-OCT-1996
;            APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;            FILING DATE: 18-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;            FILING DATE: 25-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;            FILING DATE: 06-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
```

```
;             FILING DATE: 09-MAY-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/911,312
;             FILING DATE: 14-AUG-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/912,951
;             FILING DATE: 14-AUG-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;             FILING DATE: 14-AUG-1997
;             APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17618
;             FILING DATE: 01-OCT-1997
;             APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;             FILING DATE: 01-OCT-1997
;         ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;             NAME: Apple, Randolph Ted
;             REGISTRATION NUMBER: 36,429
;             REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002610US
;         TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;             TELEPHONE: (415) 576-0200
;             TELEFAX: (415) 576-0300
;     INFORMATION FOR SEQ ID NO: 638:
;         SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;             LENGTH: 3396 base pairs
;             TYPE: nucleic acid
;             STRANDEDNESS: single
;             TOPOLOGY: linear
;         MOLECULE TYPE: DNA
;         FEATURE:
;             NAME/KEY:  -
;             LOCATION:  1..3396
;             OTHER INFORMATION:  /note= "hTRT-encoding sequence employing
;             alternative codon distributions for
;             E. coli (all genes)"
;         SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 638:
US-09-721-456-638

Alignment Scores:
Pred. No.:               0              Length:         3396
Score:                   5961.00        Matches:        1132
Percent Similarity:      100.00%        Conservative:   0
Best Local Similarity:   100.00%        Mismatches:     0
Query Match:             100.00%        Indels:         0
DB:                      4              Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-09-721-456-638 (1-3396)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCGCGCGCGCCGCGCTGCCGCGCGGTGCGCAGCCTGCTGCGCAGCCATTATCGCGAA 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTGCTGCCGCTGGCGACCTTTGTGCGCCGCCTGGGCCCGCAGGGCTGGCGCCTGGTGCAG 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CGCGGCGATCCGGCGGCGTTTCGCGCGCTGGTGGCGCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCGTGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GATGCGCGCCCGCCGCCGGCGGCGCCGAGCTTTCGCCAGGTGAGCTGCCTGAAAGAACTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTGGCGCGCGTGCTGCAGCGCCTGTGCGAACGCGGCGCGAAAAACGTGCTGGCGTTTGGC 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTTGCGCTGCTGGATGGCGCGCGCGGCGGCCCGCCGGAAGCGTTTACCACCAGCGTGCGC 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 AGCTATCTGCCGAACACCGTGACCGATGCGCTGCGCGGCAGCGGCGCGTGGGGCCTGCTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CTGCGCCGCGTGGGCGATGATGTGCTGGTGCATCTGCTGGCGCGCTGCGCGCTGTTTGTG 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CTGGTGGCGCCGAGCTGCGCGTATCAGGTGTGCGGCCCGCCGCTGTATCAGCTGGGCGCG 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCGACCCAGGCGCGCCCGCCGCCGCATGCGAGCGGCCCGCGCCGCCGCCTGGGCTGCGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CGCGCGTGGAACCATAGCGTGCGCGAAGCGGGCGTGCCGCTGGGCCTGCCGGCGCCGGGC 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCGCGCCGCCGCGGCGGCAGCGCGAGCCGCAGCCTGCCGCTGCCGAAACGCCCGCGCCGC 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGCGCGGCGCCGGAACCGGAACGCACCCCGGTGGGCCAGGGCAGCTGGGCGCATCCGGGC 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 CGCACCCGCGGCCCGAGCGATCGCGGCTTTTGCGTGGTGAGCCCGGCGCGCCCGGCGGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCGACCAGCCTGGAAGGCGCGCTGAGCGGCACCCGCCATAGCCATCCGAGCGTGGGC 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CGCCAGCATCATGCGGGCCCGCCGAGCACCAGCCGCCCGCCGCGCCCGTGGGATACCCCG 960

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGCCCGCCGGTGTATGCGGAAACCAAACATTTTCTGTATAGCAGCGGCGATAAAGAACAG 1020

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CTGCGCCCGAGCTTTCTGCTGAGCAGCCTGCGCCCGAGCCTGACCGGCGCGCGCCGCCTG 1080

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTGGAAACCATTTTTCTGGGCAGCCGCCCGTGGATGCCGGGCACCCCGCGCCGCCTGCCG 1140

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 CGCCTGCCGCAGCGCTATTGGCAGATGCGCCCGCTGTTTCTGGAACTGCTGGGCAACCAT 1200

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCGCAGTGCCCGTATGGCGTGCTGCTGAAAACCCATTGCCCGCTGCGCGCGGCGGTGACC 1260

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 CCGGCGGCGGGCGTGTGCGCGCGCGAAAAACCGCAGGGCAGCGTGGCGGCGCCGGAAGAA 1320

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GAAGATACCGATCCGCGCCGCCTGGTGCAGCTGCTGCGCCAGCATAGCAGCCCGTGGCAG 1380

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GTGTATGGCTTTGTGCGCGCGTGCCTGCGCCGCCTGGTGCCGCCGGGCCTGTGGGGCAGC 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGCCATAACGAACGCCGCTTTCTGCGCAACACCAAAAAATTTATTAGCCTGGGCAAACAT 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       1501 GCGAAACTGAGCCTGCAGGAACTGACCTGGAAAATGAGCGTGCGCGATTGCGCGTGGCTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CGCCGCAGCCCGGGCGTGGGCTGCGTGCCGGCGGCGGAACATCGCCTGCGCGAAGAAATT 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 CTGGCGAAATTTCTGCATTGGCTGATGAGCGTGTATGTGGTGGAACTGCTGCGCAGCTTT 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TTTTATGTGACCGAAACCACCTTTCAGAAAAACCGCCTGTTTTTTTATCGCAAAAGCGTG 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGGAGCAAACTGCAGAGCATTGGCATTCGCCAGCATCTGAAACGCGTGCAGCTGCGCGAA 1800

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CTGAGCGAAGCGGAAGTGCGCCAGCATCGCGAAGCGCGCCCGGCGCTGCTGACCAGCCGC 1860

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 CTGCGCTTTATTCCGAAACCGGATGGCCTGCGCCCGATTGTGAACATGGATTATGTGGTG 1920

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 GGCGCGCGCACCTTTCGCCGCGAAAAACGCGCGGAACGCCTGACCAGCCGCGTGAAAGCG 1980

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CTGTTTAGCGTGCTGAACTATGAACGCGCGCGCCGCCCGGGCCTGCTGGGCGCGAGCGTG 2040

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CTGGGCCTGGATGATATTCATCGCGCGTGGCGCACCTTTGTGCTGCGCGTGCGCGCGCAG 2100

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 GATCCGCCGCCGGAACTGTATTTTGTGAAAGTGGATGTGACCGGCGCGTATGATACCATT 2160

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 CCGCAGGATCGCCTGACCGAAGTGATTGCGAGCATTATTAAACCGCAGAACACCTATTGC 2220

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GTGCGCCGCTATGCGGTGGTGCAGAAAGCGGCGCATGGCCATGTGCGCAAAGCGTTTAAA 2280

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 AGCCATGTGAGCACCCTGACCGATCTGCAGCCGTATATGCGCCAGTTTGTGGCGCATCTG 2340

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CAGGAAACCAGCCCGCTGCGCGATGCGGTGGTGATTGAACAGAGCAGCAGCCTGAACGAA 2400

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GCGAGCAGCGGCCTGTTTGATGTGTTTCTGCGCTTTATGTGCCATCATGCGGTGCGCATT 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CGCGGCAAAAGCTATGTGCAGTGCCAGGGCATTCCGCAGGGCAGCATTCTGAGCACCCTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CTGTGCAGCCTGTGCTATGGCGATATGGAAAACAAACTGTTTGCGGGCATTCGCCGCGAT 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 GGCCTGCTGCTGCGCCTGGTGGATGATTTTCTGCTGGTGACCCCGCATCTGACCCATGCG 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AAAACCTTTCTGCGCACCCTGGTGCGCGGCGTGCCGGAATATGGCTGCGTGGTGAACCTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CGCAAAACCGTGGTGAACTTTCCGGTGGAAGATGAAGCGCTGGGCGGCACCGCGTTTGTG 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CAGATGCCGGCGCATGGCCTGTTTCCGTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGCACCCTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAAGTGCAGAGCGATTATAGCAGCTATGCGCGCACCAGCATTCGCGCGAGCCTGACCTTT 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 AACCGCGGCTTTAAAGCGGGCCGCAACATGCGCCGCAAACTGTTTGGCGTGCTGCGCCTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AAATGCCATAGCCTGTTTCTGGATCTGCAGGTGAACAGCCTGCAGACCGTGTGCACCAAC 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATTTATAAAATTCTGCTGCTGCAGGCGTATCGCTTTCATGCGTGCGTGCTGCAGCTGCCG 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTTCATCAGCAGGTGTGGAAAAACCCGACCTTTTTTCTGCGCGTGATTAGCGATACCGCG 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 AGCCTGTGCTATAGCATTCTGAAAGCGAAAAACGCGGGCATGAGCCTGGGCGCGAAAGGC 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCGGCGGGCCCGCTGCCGAGCGAAGCGGTGCAGTGGCTGTGCCATCAGGCGTTTCTGCTG 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAACTGACCCGCCATCGCGTGACCTATGTGCCGCTGCTGGGCAGCCTGCGCACCGCGCAG 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACCCAGCTGAGCCGCAAACTGCCGGGCACCACCCTGACCGCGCTGGAAGCGGCGGCGAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCGGCGCTGCCGAGCGATTTTAAAACCATTCTGGAT 3396
```

```
RESULT 7
US-09-721-456-639
; Sequence 639, Application US/09721456
; Patent No. 6617110
;   GENERAL INFORMATION:
;        APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                   Lingner, Joachim
;                   Nakamura, Toru
;                   Chapman, Karen B.
;                   Morin, Gregg B.
;                   Harley, Calvin B.
;                   Andrews, William H.
;        TITLE OF INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit
;        NUMBER OF SEQUENCES: 727
;        CORRESPONDENCE ADDRESS:
;             ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;             STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;             CITY: San Francisco
;             STATE: California
;             COUNTRY: USA
```

```
;           ZIP: 94111-3834
;       COMPUTER READABLE FORM:
;           MEDIUM TYPE: Floppy disk
;           COMPUTER: IBM PC compatible
;           OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;           SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;       CURRENT APPLICATION DATA:
;           APPLICATION NUMBER: US/09/721,456
;           FILING DATE: 22-No. 6617110-2000
;           CLASSIFICATION: <Unknown>
;       PRIOR APPLICATION DATA:
;           APPLICATION NUMBER: US/08/974,549A
;           FILING DATE: 19-NOV-1997
;           APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;           FILING DATE: 01-OCT-1996
;           APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;           FILING DATE: 18-APR-1997
;           APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;           FILING DATE: 25-APR-1997
;           APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;           FILING DATE: 06-MAY-1997
;           APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;           FILING DATE: 09-MAY-1997
;           APPLICATION NUMBER: US 08/911,312
;           FILING DATE: 14-AUG-1997
;           APPLICATION NUMBER: US 08/912,951
;           FILING DATE: 14-AUG-1997
;           APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;           FILING DATE: 14-AUG-1997
;           APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17618
;           FILING DATE: 01-OCT-1997
;           APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;           FILING DATE: 01-OCT-1997
;       ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;           NAME: Apple, Randolph Ted
;           REGISTRATION NUMBER: 36,429
;           REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002610US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;           TELEPHONE: (415) 576-0200
;           TELEFAX: (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO: 639:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;           LENGTH: 3396 base pairs
;           TYPE: nucleic acid
;           STRANDEDNESS: single
;           TOPOLOGY: linear
;       MOLECULE TYPE: DNA
;       FEATURE:
;           NAME/KEY:  -
;           LOCATION:  1..3396
;           OTHER INFORMATION:  /note= "hTRT-encoding sequence employing
;           alternative codon distributions for
;           enteric bacteria (high expressing
;           genes)"
;       SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 639:
US-09-721-456-639

Alignment Scores:
Pred. No.:              0               Length:         3396
Score:                  5961.00         Matches:        1132
Percent Similarity:     100.00%         Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%         Mismatches:     0
Query Match:            100.00%         Indels:         0
DB:                     4               Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-09-721-456-639 (1-3396)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCGCGTGCTCCGCGTTGCCGTGCTGTTCGTTCCCTGCTGCGTTCCCACTACCGTGAA 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTTCTGCCGCTGGCTACCTTCGTTCGTCGTCTGGGTCCGCAGGGTTGGCGTCTGGTTCAG 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CGTGGTGACCCGGCTGCTTTCCGTGCTCTGGTTGCTCAGTGCCTGGTTTGCGTTCCGTGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GACGCTCGTCCGCCGCCGGCTGCTCCGTCCTTCCGTCAGGTTTCCTGCCTGAAAGAACTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTTGCTCGTGTTCTGCAGCGTCTGTGCGAACGTGGTGCTAAAAACGTTCTGGCTTTCGGT 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTCGCTCTGCTGGACGGTGCTCGTGGTGGTCCGCCGGAAGCTTTCACCACCTCCGTTCGT 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 TCCTACCTGCCGAACACCGTTACCGACGCTCTGCGTGGTTCCGGTGCTTGGGGTCTGCTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CTGCGTCGTGTTGGTGACGACGTTCTGGTTCACCTGCTGGCTCGTTGCGCTCTGTTCGTT 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CTGGTTGCTCCGTCCTGCGCTTACCAGGTTTGCGGTCCGCCGCTGTACCAGCTGGGTGCT 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCTACCCAGGCTCGTCCGCCGCCGCACGCTTCCGGTCCGCGTCGTCGTCTGGGTTGCGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CGTGCTTGGAACCACTCCGTTCGTGAAGCTGGTGTTCCGCTGGGTCTGCCGGCTCCGGGT 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCTCGTCGTCGTGGTGGTTCCGCTTCCCGTTCCCTGCCGCTGCCGAAACGTCCGCGTCGT 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGTGCTGCTCCGGAACCGGAACGTACCCCGGTTGGTCAGGGTTCCTGGGCTCACCCGGGT 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 CGTACCCGTGGTCCGTCCGACCGTGGTTTCTGCGTTGTTTCCCCGGCTCGTCCGGCTGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCTACCTCCCTGGAAGGTGCTCTGTCCGGTACCCGTCACTCCCACCCGTCCGTTGGT 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CGTCAGCACCACGCTGGTCCGCCGTCCACCTCCCGTCCGCCGCGTCCGTGGGACACCCCG 960

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGCCCGCCGGTTTACGCTGAAACCAAACACTTCCTGTACTCCTCCGGTGACAAAGAACAG 1020

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CTGCGTCCGTCCTTCCTGCTGTCCTCCCTGCGTCCGTCCCTGACCGGTGCTCGTCGTCTG 1080

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTTGAAACCATCTTCCTGGGTTCCCGTCCGTGGATGCCGGGTACCCCGCGTCGTCTGCCG 1140

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 CGTCTGCCGCAGCGTTACTGGCAGATGCGTCCGCTGTTCCTGGAACTGCTGGGTAACCAC 1200
```

```
Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
Db       1201 GCTCAGTGCCCGTACGGTGTTCTGCTGAAAACCCACTGCCCGCTGCGTGCTGCTGTTACC 1260

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
Db       1261 CCGGCTGCTGGTGTTTGCGCTCGTGAAAAACCGCAGGGTTCCGTTGCTGCTCCGGAAGAA 1320

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
Db       1321 GAAGACACCGACCCGCGTCGTCTGGTTCAGCTGCTGCGTCAGCACTCCTCCCCGTGGCAG 1380

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
Db       1381 GTTTACGGTTTCGTTCGTGCTTGCCTGCGTCGTCTGGTTCCGCCGGGTCTGTGGGGTTCC 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
Db       1441 CGTCACAACGAACGTCGTTTCCTGCGTAACACCAAAAAATTCATCTCCCTGGGTAAACAC 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
Db       1501 GCTAAACTGTCCCTGCAGGAACTGACCTGGAAAATGTCCGTTCGTGACTGCGCTTGGCTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
Db       1561 CGTCGTTCCCCGGGTGTTGGTTGCGTTCCGGCTGCTGAACACCGTCTGCGTGAAGAAATC 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
Db       1621 CTGGCTAAATTCCTGCACTGGCTGATGTCCGTTTACGTTGTTGAACTGCTGCGTTCCTTC 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
Db       1681 TTCTACGTTACCGAAACCACCTTCCAGAAAAACCGTCTGTTCTTCTACCGTAAATCCGTT 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
Db       1741 TGGTCCAAACTGCAGTCCATCGGTATCCGTCAGCACCTGAAACGTGTTCAGCTGCGTGAA 1800

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
Db       1801 CTGTCCGAAGCTGAAGTTCGTCAGCACCGTGAAGCTCGTCCGGCTCTGCTGACCTCCCGT 1860

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
Db       1861 CTGCGTTTCATCCCGAAACCGGACGGTCTGCGTCCGATCGTTAACATGGACTACGTTGTT 1920

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
Db       1921 GGTGCTCGTACCTTCCGTCGTGAAAAACGTGCTGAACGTCTGACCTCCCGTGTTAAAGCT 1980

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
Db       1981 CTGTTCTCCGTTCTGAACTACGAACGTGCTCGTCGTCCGGGTCTGCTGGGTGCTTCCGTT 2040

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
Db       2041 CTGGGTCTGGACGACATCCACCGTGCTTGGCGTACCTTCGTTCTGCGTGTTCGTGCTCAG 2100

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
Db       2101 GACCCGCCGCCGGAACTGTACTTCGTTAAAGTTGACGTTACCGGTGCTTACGACACCATC 2160

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
Db       2161 CCGCAGGACCGTCTGACCGAAGTTATCGCTTCCATCATCAAACCGCAGAACACCTACTGC 2220

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
Db       2221 GTTCGTCGTTACGCTGTTGTTCAGAAAGCTGCTCACGGTCACGTTCGTAAAGCTTTCAAA 2280

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
Db       2281 TCCCACGTTTCCACCCTGACCGACCTGCAGCCGTACATGCGTCAGTTCGTTGCTCACCTG 2340

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
Db       2341 CAGGAAACCTCCCCGCTGCGTGACGCTGTTGTTATCGAACAGTCCTCCTCCCTGAACGAA 2400

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
Db       2401 GCTTCCTCCGGTCTGTTCGACGTTTTCCTGCGTTTCATGTGCCACCACGCTGTTCGTATC 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
Db       2461 CGTGGTAAATCCTACGTTCAGTGCCAGGGTATCCCGCAGGGTTCCATCCTGTCCACCCTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
Db       2521 CTGTGCTCCCTGTGCTACGGTGACATGGAAAACAAACTGTTCGCTGGTATCCGTCGTGAC 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
Db       2581 GGTCTGCTGCTGCGTCTGGTTGACGACTTCCTGCTGGTTACCCCGCACCTGACCCACGCT 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
Db       2641 AAAACCTTCCTGCGTACCCTGGTTCGTGGTGTTCCGGAATACGGTTGCGTTGTTAACCTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
Db       2701 CGTAAAACCGTTGTTAACTTCCCGGTTGAAGACGAAGCTCTGGGTGGTACCGCTTTCGTT 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
Db       2761 CAGATGCCGGCTCACGGTCTGTTCCCGTGGTGCGGTCTGCTGCTGGACACCCGTACCCTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
Db       2821 GAAGTTCAGTCCGACTACTCCTCCTACGCTCGTACCTCCATCCGTGCTTCCCTGACCTTC 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
Db       2881 AACCGTGGTTTCAAAGCTGGTCGTAACATGCGTCGTAAACTGTTCGGTGTTCTGCGTCTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
Db       2941 AAATGCCACTCCCTGTTCCTGGACCTGCAGGTTAACTCCCTGCAGACCGTTTGCACCAAC 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
Db       3001 ATCTACAAAATCCTGCTGCTGCAGGCTTACCGTTTCCACGCTTGCGTTCTGCAGCTGCCG 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
Db       3061 TTCCACCAGCAGGTTTGGAAAAACCCGACCTTCTTCCTGCGTGTTATCTCCGACACCGCT 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
Db       3121 TCCCTGTGCTACTCCATCCTGAAAGCTAAAAACGCTGGTATGTCCCTGGGTGCTAAAGGT 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
Db       3181 GCTGCTGGTCCGCTGCCGTCCGAAGCTGTTCAGTGGCTGTGCCACCAGGCTTTCCTGCTG 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
Db       3241 AAACTGACCCGTCACCGTGTTACCTACGTTCCGCTGCTGGGTTCCCTGCGTACCGCTCAG 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
Db       3301 ACCCAGCTGTCCCGTAAACTGCCGGGTACCACCCTGACCGCTCTGGAAGCTGCTGCTAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCGGCTCTGCCGTCCGACTTCAAAACCATCCTGGAC 3396

RESULT 8
US-09-721-456-640
; Sequence 640, Application US/09721456
; Patent No. 6617110
;   GENERAL INFORMATION:
;        APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                   Lingner, Joachim
;                   Nakamura, Toru
;                   Chapman, Karen B.
;                   Morin, Gregg B.
;                   Harley, Calvin B.
;                   Andrews, William H.
;        TITLE OF INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit
;        NUMBER OF SEQUENCES: 727
;        CORRESPONDENCE ADDRESS:
;             ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;             STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;             CITY: San Francisco
;             STATE: California
;             COUNTRY: USA
;             ZIP: 94111-3834
;        COMPUTER READABLE FORM:
;             MEDIUM TYPE: Floppy disk
;             COMPUTER: IBM PC compatible
;             OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;             SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;        CURRENT APPLICATION DATA:
;             APPLICATION NUMBER: US/09/721,456
;             FILING DATE: 22-No. 6617110-2000
;             CLASSIFICATION: <Unknown>
;        PRIOR APPLICATION DATA:
;             APPLICATION NUMBER: US/08/974,549A
;             FILING DATE: 19-NOV-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;             FILING DATE: 01-OCT-1996
;             APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;             FILING DATE: 18-APR-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;             FILING DATE: 25-APR-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;             FILING DATE: 06-MAY-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;             FILING DATE: 09-MAY-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/911,312
;             FILING DATE: 14-AUG-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/912,951
;             FILING DATE: 14-AUG-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;             FILING DATE: 14-AUG-1997
;             APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17618
;             FILING DATE: 01-OCT-1997
;             APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;             FILING DATE: 01-OCT-1997
;        ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;             NAME: Apple, Randolph Ted
;             REGISTRATION NUMBER: 36,429
;             REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002610US
;        TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;             TELEPHONE: (415) 576-0200
;             TELEFAX: (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO: 640:
;        SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;             LENGTH: 3396 base pairs
;             TYPE: nucleic acid
;             STRANDEDNESS: single
;             TOPOLOGY: linear
;        MOLECULE TYPE: DNA
;        FEATURE:
;             NAME/KEY: -
;             LOCATION: 1..3396
;             OTHER INFORMATION: /note= "hTRT-encoding sequence employing
;             alternative codon distributions for
;             yeast (all genes)"
;        SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 640:
US-09-721-456-640

Alignment Scores:
Pred. No.:               0             Length:        3396
Score:                   5961.00       Matches:       1132
Percent Similarity:      100.00%       Conservative:  0
Best Local Similarity:   100.00%       Mismatches:    0
Query Match:             100.00%       Indels:        0
DB:                      4             Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-09-721-456-640 (1-3396)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCAAGAGCTCCAAGATGTAGAGCTGTTAGATCTTTGTTGAGATCTCATTATAGAGAA 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTTTTGCCATTGGCTACTTTTGTTAGAAGATTGGGTCCACAAGGTTGGAGATTGGTTCAA 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 AGAGGTGATCCAGCTGCTTTTAGAGCTTTGGTTGCTCAATGTTTGGTTTGTGTTCCATGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GATGCTAGACCACCACCAGCTGCTCCATCTTTTAGACAAGTTTCTTGTTTGAAAGAATTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTTGCTAGAGTTTTGCAAAGATTGTGTGAAAGAGGTGCTAAAAATGTTTTGGCTTTTGGT 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTTGCTTTGTTGGATGGTGCTAGAGGTGGTCCACCAGAAGCTTTTACTACTTCTGTTAGA 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 TCTTATTTGCCAAATACTGTTACTGATGCTTTGAGAGGTTCTGGTGCTTGGGGTTTGTTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 TTGAGAAGAGTTGGTGATGATGTTTTGGTTCATTTGTTGGCTAGATGTGCTTTGTTTGTT 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 TTGGTTGCTCCATCTTGTGCTTATCAAGTTTGTGGTCCACCATTGTATCAATTGGGTGCT 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCTACTCAAGCTAGACCACCACCACATGCTTCTGGTCCAAGAAGAAGATTGGGTTGTGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 AGAGCTTGGAATCATTCTGTTAGAGAAGCTGGTGTTCCATTGGGTTTGCCAGCTCCAGGT 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCTAGAAGAAGAGGTGGTTCTGCTTCTAGATCTTTGCCATTGCCAAAAAGACCAAGAAGA 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGTGCTGCTCCAGAACCAGAAAGAACTCCAGTTGGTCAAGGTTCTTGGGCTCATCCAGGT 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AGAACTAGAGGTCCATCTGATAGAGGTTTTTGTGTTGTTTCTCCAGCTAGACCAGCTGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCTACTTCTTTGGAAGGTGCTTTGTCTGGTACTAGACATTCTCATCCATCTGTTGGT 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 AGACAACATCATGCTGGTCCACCATCTACTTCTAGACCACCAAGACCATGGGATACTCCA 960

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGTCCACCAGTTTATGCTGAAACTAAACATTTTTTGTATTCTTCTGGTGATAAAGAACAA 1020

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 TTGAGACCATCTTTTTTGTTGTCTTCTTTGAGACCATCTTTGACTGGTGCTAGAAGATTG 1080

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTTGAAACTATTTTTTTGGGTTCTAGACCATGGATGCCAGGTACTCCAAGAAGATTGCCA 1140

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 AGATTGCCACAAAGATATTGGCAAATGAGACCATTGTTTTTGGAATTGTTGGGTAATCAT 1200

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCTCAATGTCCATATGGTGTTTTGTTGAAAACTCATTGTCCATTGAGAGCTGCTGTTACT 1260

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 CCAGCTGCTGGTGTTTGTGCTAGAGAAAAACCACAAGGTTCTGTTGCTGCTCCAGAAGAA 1320

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GAAGATACTGATCCAAGAAGATTGGTTCAATTGTTGAGACAACATTCTTCTCCATGGCAA 1380

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GTTTATGGTTTTGTTAGAGCTTGTTTGAGAAGATTGGTTCCACCAGGTTTGTGGGGTTCT 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 AGACATAATGAAAGAAGATTTTTGAGAAATACTAAAAAATTTATTTCTTTGGGTAAACAT 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GCTAAATTGTCTTTGCAAGAATTGACTTGGAAAATGTCTGTTAGAGATTGTGCTTGGTTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 AGAAGATCTCCAGGTGTTGGTTGTGTTCCAGCTGCTGAACATAGATTGAGAGAAGAAATT 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 TTGGCTAAATTTTTGCATTGGTTGATGTCTGTTTATGTTGTTGAATTGTTGAGATCTTTT 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TTTTATGTTACTGAAACTACTTTTCAAAAAAATAGATTGTTTTTTTATAGAAAATCTGTT 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGGTCTAAATTGCAATCTATTGGTATTAGACAACATTTGAAAAGAGTTCAATTGAGAGAA 1800

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 TTGTCTGAAGCTGAAGTTAGACAACATAGAGAAGCTAGACCAGCTTTGTTGACTTCTAGA 1860

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 TTGAGATTTATTCCAAAACCAGATGGTTTGAGACCAATTGTTAATATGGATTATGTTGTT 1920

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 GGTGCTAGAACTTTTAGAAGAGAAAAAAGAGCTGAAAGATTGACTTCTAGAGTTAAAGCT 1980

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 TTGTTTTCTGTTTTGAATTATGAAAGAGCTAGAAGACCAGGTTTGTTGGGTGCTTCTGTT 2040

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 TTGGGTTTGGATGATATTCATAGAGCTTGGAGAACTTTTGTTTTGAGAGTTAGAGCTCAA 2100

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 GATCCACCACCAGAATTGTATTTTGTTAAAGTTGATGTTACTGGTGCTTATGATACTATT 2160

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 CCACAAGATAGATTGACTGAAGTTATTGCTTCTATTATTAAACCACAAAATACTTATTGT 2220

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GTTAGAAGATATGCTGTTGTTCAAAAAGCTGCTCATGGTCATGTTAGAAAAGCTTTTAAA 2280

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCTCATGTTTCTACTTTGACTGATTTGCAACCATATATGAGACAATTTGTTGCTCATTTG 2340

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CAAGAAACTTCTCCATTGAGAGATGCTGTTGTTATTGAACAATCTTCTTCTTTGAATGAA 2400

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GCTTCTTCTGGTTTGTTTGATGTTTTTTTGAGATTTATGTGTCATCATGCTGTTAGAATT 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 AGAGGTAAATCTTATGTTCAATGTCAAGGTATTCCACAAGGTTCTATTTTGTCTACTTTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 TTGTGTTCTTTGTGTTATGGTGATATGGAAAATAAATTGTTTGCTGGTATTAGAAGAGAT 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 GGTTTGTTGTTGAGATTGGTTGATGATTTTTTGTTGGTTACTCCACATTTGACTCATGCT 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AAAACTTTTTTGAGAACTTTGGTTAGAGGTGTTCCAGAATATGGTTGTGTTGTTAATTTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 AGAAAAACTGTTGTTAATTTTCCAGTTGAAGATGAAGCTTTGGGTGGTACTGCTTTTGTT 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CAAATGCCAGCTCATGGTTTGTTTCCATGGTGTGGTTTGTTGTTGGATACTAGAACTTTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAAGTTCAATCTGATTATTCTTCTTATGCTAGAACTTCTATTAGAGCTTCTTTGACTTTT 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 AATAGAGGTTTTAAAGCTGGTAGAAATATGAGAAGAAAATTGTTTGGTGTTTTGAGATTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AAATGTCATTCTTTGTTTTTGGATTTGCAAGTTAATTCTTTGCAAACTGTTTGTACTAAT 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATTTATAAAATTTTGTTGTTGCAAGCTTATAGATTTCATGCTTGTGTTTTGCAATTGCCA 3060
```

```
Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTTCATCAACAAGTTTGGAAAAATCCAACTTTTTTTTTGAGAGTTATTTCTGATACTGCT 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCTTTGTGTTATTCTATTTGAAAGCTAAAAATGCTGGTATGTCTTTGGGTGCTAAAGGT 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCTGCTGGTCCATTGCCATCTGAAGCTGTTCAATGGTTGTGTCATCAAGCTTTTTTGTTG 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAATTGACTAGACATAGAGTTACTTATGTTCCATTGTTGGGTTCTTTGAGAACTGCTCAA 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACTCAATTGTCTAGAAAATTGCCAGGTACTACTTTGACTGCTTTGGAAGCTGCTGCTAAT 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCAGCTTTGCCATCTGATTTTAAAACTATTTTGGAT 3396
```

RESULT 9
US-09-721-456-641
; Sequence 641, Application US/09721456
; Patent No. 6617110
; GENERAL INFORMATION:
;   APPLICANT: Cech, Thomas R.
;   Lingner, Joachim
;   Nakamura, Toru
;   Chapman, Karen B.
;   Morin, Gregg B.
;   Harley, Calvin B.
;   Andrews, William H.
;   TITLE OF INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit
;   NUMBER OF SEQUENCES: 727
;   CORRESPONDENCE ADDRESS:
;   ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;   STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;   CITY: San Francisco
;   STATE: California
;   COUNTRY: USA
;   ZIP: 94111-3834
;   COMPUTER READABLE FORM:
;   MEDIUM TYPE: Floppy disk
;   COMPUTER: IBM PC compatible
;   OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;   SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;   CURRENT APPLICATION DATA:
;   APPLICATION NUMBER: US/09/721,456
;   FILING DATE: 22-No. 6617110-2000
;   CLASSIFICATION: <Unknown>
;   PRIOR APPLICATION DATA:
;   APPLICATION NUMBER: US/08/974,549A
;   FILING DATE: 19-NOV-1997
;   APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;   FILING DATE: 01-OCT-1996
;   APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;   FILING DATE: 18-APR-1997
;   APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;   FILING DATE: 25-APR-1997
;   APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;   FILING DATE: 06-MAY-1997
;   APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;   FILING DATE: 09-MAY-1997
;   APPLICATION NUMBER: US 08/911,312
;   FILING DATE: 14-AUG-1997
;   APPLICATION NUMBER: US 08/912,951
;   FILING DATE: 14-AUG-1997
;   APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;   FILING DATE: 14-AUG-1997
;   APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17618
;   FILING DATE: 01-OCT-1997
;   APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;   FILING DATE: 01-OCT-1997
;   ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;   NAME: Apple, Randolph Ted
;   REGISTRATION NUMBER: 36,429
;   REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002610US
;   TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;   TELEPHONE: (415) 576-0200
;   TELEFAX: (415) 576-0300
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 641:
;   SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;   LENGTH: 3396 base pairs
;   TYPE: nucleic acid
;   STRANDEDNESS: single
;   TOPOLOGY: linear
;   MOLECULE TYPE: DNA
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: -
;   LOCATION: 1..3396
;   OTHER INFORMATION: /note= "hTRT-encoding sequence employing
;   alternative codon distributions for
;   yeast (high expressing genes)"
;   SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 641:
US-09-721-456-641

Alignment Scores:			
Pred. No.:	0	Length:	3396
Score:	5961.00	Matches:	1132
Percent Similarity:	100.00%	Conservative:	0
Best Local Similarity:	100.00%	Mismatches:	0
Query Match:	100.00%	Indels:	0
DB:	4	Gaps:	0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-09-721-456-641 (1-3396)

```
Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCAAGAGCTCCAAGATGTAGAGCTGTTAGATCTTTGTTGAGATCTCACTACAGAGAA 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTTTTGCCATTGGCTACTTTCGTTAGAAGATTGGGTCCACAAGGTTGGAGATTGGTTCAA 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 AGAGGTGACCCAGCTGCTTTCAGAGCTTTGGTTGCTCAATGTTTGGTTTGTGTTCCATGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GACGCTAGACCACCACCAGCTGCTCCATCTTTCAGACAAGTTTCTTGTTTGAAGGAATTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTTGCTAGAGTTTTGCAAAGATTGTGTGAAAGAGGTGCTAAGAACGTTTTGGCTTTCGGT 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTCGCTTTGTTGGACGGTGCTAGAGGTGGTCCACCAGAAGCTTTCACTACTTCTGTTAGA 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 TCTTACTTGCCAAACACTGTTACTGACGCTTTGAGAGGTTCTGGTGCTTGGGGTTTGTTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 TTGAGAAGAGTTGGTGACGACGTTTTGGTTCACTTGTTGGCTAGATGTGCTTTGTTCGTT 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 TTGGTTGCTCCATCTTGTGCTTACCAAGTTTGTGGTCCACCATTGTACCAATTGGGTGCT 540
```

```
Qy    181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
Db    541 GCTACTCAAGCTAGACCACCACCACACGCTTCTGGTCCAAGAAGAAGATTGGGTTGTGAA 600

Qy    201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
Db    601 AGAGCTTGGAACCACTCTGTTAGAGAAGCTGGTGTTCCATTGGGTTTGCCAGCTCCAGGT 660

Qy    221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
Db    661 GCTAGAAGAAGAGGTGGTTCTGCTTCTAGATCTTTGCCATTGCCAAAGAGACCAAGAAGA 720

Qy    241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
Db    721 GGTGCTGCTCCAGAACCAGAAAGAACTCCAGTTGGTCAAGGTTCTTGGGCTCACCCAGGT 780

Qy    261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
Db    781 AGAACTAGAGGTCCATCTGACAGAGGTTTCTGTGTTGTTTCTCCAGCTAGACCAGCTGAA 840

Qy    281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
Db    841 GAAGCTACTTCTTTGGAAGGTGCTTTGTCTGGTACTAGACACTCTCACCCATCTGTTGGT 900

Qy    301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
Db    901 AGACAACACCACGCTGGTCCACCATCTACTTCTAGACCACCAAGACCATGGGACACTCCA 960

Qy    321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
Db    961 TGTCCACCAGTTTACGCTGAAACTAAGCACTTCTTGTACTCTTCTGGTGACAAGGAACAA 1020

Qy    341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
Db   1021 TTGAGACCATCTTTCTTGTTGTCTTCTTTGAGACCATCTTTGACTGGTGCTAGAAGATTG 1080

Qy    361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
Db   1081 GTTGAAACTATTTTCTTGGGTTCTAGACCATGGATGCCAGGTACTCCAAGAAGATTGCCA 1140

Qy    381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
Db   1141 AGATTGCCACAAAGATACTGGCAAATGAGACCATTGTTCTTGGAATTGTTGGGTAACCAC 1200

Qy    401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
Db   1201 GCTCAATGTCCATACGGTGTTTTGTTGAAGACTCACTGTCCATTGAGAGCTGCTGTTACT 1260

Qy    421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
Db   1261 CCAGCTGCTGGTGTTTGTGCTAGAGAAAAGCCACAAGGTTCTGTTGCTGCTCCAGAAGAA 1320

Qy    441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
Db   1321 GAAGACACTGACCCAAGAAGATTGGTTCAATTGTTGAGACAACACTCTTCTCCATGGCAA 1380

Qy    461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
Db   1381 GTTTACGGTTTCGTTAGAGCTTGTTTGAGAAGATTGGTTCCACCAGGTTTGTGGGGTTCT 1440

Qy    481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
Db   1441 AGACACAACGAAAGAAGATTCTTGAGAAACACTAAGAAGTTCATTTCTTTGGGTAAGCAC 1500

Qy    501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
Db   1501 GCTAAGTTGTCTTTGCAAGAATTGACTTGGAAGATGTCTGTTAGAGACTGTGCTTGGTTG 1560

Qy    521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
Db   1561 AGAAGATCTCCAGGTGTTGGTTGTGTTCCAGCTGCTGAACACAGATTGAGAGAAGAAATT 1620

Qy    541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
Db   1621 TTGGCTAAGTTCTTGCACTGGTTGATGTCTGTTTACGTTGTTGAATTGTTGAGATCTTTC 1680

Qy    561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
Db   1681 TTCTACGTTACTGAAACTACTTTCCAAAAGAACAGATTGTTCTTCTACAGAAAGTCTGTT 1740

Qy    581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
Db   1741 TGGTCTAAGTTGCAATCTATTGGTATTAGACAACACTTGAAGAGAGTTCAATTGAGAGAA 1800

Qy    601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
Db   1801 TTGTCTGAAGCTGAAGTTAGACAACACAGAGAAGCTAGACCAGCTTTGTTGACTTCTAGA 1860

Qy    621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
Db   1861 TTGAGATTCATTCCAAAGCCAGACGGTTTGAGACCAATTGTTAACATGGACTACGTTGTT 1920

Qy    641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
Db   1921 GGTGCTAGAACTTTCAGAAGAGAAAAGAGAGCTGAAAGATTGACTTCTAGAGTTAAGGCT 1980

Qy    661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
Db   1981 TTGTTCTCTGTTTTGAACTACGAAAGAGCTAGAAGACCAGGTTTGTTGGGTGCTTCTGTT 2040

Qy    681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
Db   2041 TTGGGTTTGGACGACATTCACAGAGCTTGGAGAACTTTCGTTTTGAGAGTTAGAGCTCAA 2100

Qy    701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
Db   2101 GACCCACCACCAGAATTGTACTTCGTTAAGGTTGACGTTACTGGTGCTTACGACACTATT 2160

Qy    721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
Db   2161 CCACAAGACAGATTGACTGAAGTTATTGCTTCTATTATTAAGCCACAAAACACTTACTGT 2220

Qy    741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
Db   2221 GTTAGAAGATACGCTGTTGTTCAAAAGGCTGCTCACGGTCACGTTAGAAAGGCTTTCAAG 2280

Qy    761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
Db   2281 TCTCACGTTTCTACTTTGACTGACTTGCAACCATACATGAGACAATTCGTTGCTCACTTG 2340

Qy    781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
Db   2341 CAAGAAACTTCTCCATTGAGAGACGCTGTTGTTATTGAACAATCTTCTTCTTTGAACGAA 2400

Qy    801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
Db   2401 GCTTCTTCTGGTTTGTTCGACGTTTTCTTGAGATTCATGTGTCACCACGCTGTTAGAATT 2460

Qy    821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
Db   2461 AGAGGTAAGTCTTACGTTCAATGTCAAGGTATTCCACAAGGTTCTATTTTGTCTACTTTG 2520

Qy    841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
Db   2521 TTGTGTTCTTTGTGTTACGGTGACATGGAAAACAAGTTGTTCGCTGGTATTAGAAGAGAC 2580

Qy    861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
Db   2581 GGTTTGTTGTTGAGATTGGTTGACGACTTCTTGTTGGTTACTCCACACTTGACTCACGCT 2640

Qy    881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
Db   2641 AAGACTTTCTTGAGAACTTTGGTTAGAGGTGTTCCAGAATACGGTTGTGTTGTTAACTTG 2700

Qy    901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2701 AGAAAGACTGTTGTTAACTTCCCAGTTGAAGACGAAGCTTTGGGTGGTACTGCTTTCGTT 2760

Qy         921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2761 CAAATGCCAGCTCACGGTTTGTTCCCATGGTGTGGTTTGTTGTTGGACACTAGAACTTTG 2820

Qy         941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2821 GAAGTTCAATCTGACTACTCTTCTTACGCTAGAACTTCTATTAGAGCTTCTTTGACTTTC 2880

Qy         961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2881 AACAGAGGTTTCAAGGCTGGTAGAAACATGAGAAGAAAGTTGTTCGGTGTTTTGAGATTG 2940

Qy         981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 AAGTGTCACTCTTTGTTCTTGGACTTGCAAGTTAACTCTTTGCAAACTGTTTGTACTAAC 3000

Qy        1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 ATTTACAAGATTTTGTTGTTGCAAGCTTACAGATTCCACGCTTGTGTTTTGCAATTGCCA 3060

Qy        1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 TTCCACCAACAAGTTTGGAAGAACCCAACTTTCTTCTTGAGAGTTATTTCTGACACTGCT 3120

Qy        1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 TCTTTGTGTTACTCTATTTTGAAGGCTAAGAACGCTGGTATGTCTTTGGGTGCTAAGGGT 3180

Qy        1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3181 GCTGCTGGTCCATTGCCATCTGAAGCTGTTCAATGGTTGTGTCACCAAGCTTTCTTGTTG 3240

Qy        1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3241 AAGTTGACTAGACACAGAGTTACTTACGTTCCATTGTTGGGTTCTTTGAGAACTGCTCAA 3300

Qy        1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3301 ACTCAATTGTCTAGAAAGTTGCCAGGTACTACTTTGACTGCTTTGGAAGCTGCTGCTAAC 3360

Qy        1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 CCAGCTTTGCCATCTGACTTCAAGACTATTTTGGAC 3396
```

RESULT 10
US-09-721-456-642

```
; Sequence 642, Application US/09721456
; Patent No. 6617110
;  GENERAL INFORMATION:
;       APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                  Lingner, Joachim
;                  Nakamura, Toru
;                  Chapman, Karen B.
;                  Morin, Gregg B.
;                  Harley, Calvin B.
;                  Andrews, William H.
;       TITLE OF INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit
;       NUMBER OF SEQUENCES: 727
;       CORRESPONDENCE ADDRESS:
;            ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;            STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;            CITY: San Francisco
;            STATE: California
;            COUNTRY: USA
;            ZIP: 94111-3834
;       COMPUTER READABLE FORM:
;            MEDIUM TYPE: Floppy disk
;            COMPUTER: IBM PC compatible
;            OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;            SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;       CURRENT APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/09/721,456
;            FILING DATE: 22-No. 6617110-2000
;            CLASSIFICATION: <Unknown>
;       PRIOR APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/08/974,549A
;            FILING DATE: 19-NOV-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;            FILING DATE: 01-OCT-1996
;            APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;            FILING DATE: 18-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;            FILING DATE: 25-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;            FILING DATE: 06-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;            FILING DATE: 09-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/911,312
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/912,951
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17618
;            FILING DATE: 01-OCT-1997
;            APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;            FILING DATE: 01-OCT-1997
;       ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;            NAME: Apple, Randolph Ted
;            REGISTRATION NUMBER: 36,429
;            REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002610US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;            TELEPHONE: (415) 576-0200
;            TELEFAX: (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO: 642:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;            LENGTH: 3396 base pairs
;            TYPE: nucleic acid
;            STRANDEDNESS: single
;            TOPOLOGY: linear
;       MOLECULE TYPE: DNA
;       FEATURE:
;            NAME/KEY:  -
;            LOCATION:  1..3396
;            OTHER INFORMATION:  /note= ""generic" hTRT protein encoding
;            sequence"
;       SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 642:
US-09-721-456-642
```

```
Alignment Scores:
Pred. No.:              0               Length:         3396
Score:                  5961.00         Matches:        1132
Percent Similarity:     100.00%         Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%         Mismatches:     0
Query Match:            100.00%         Indels:         0
DB:                     4               Gaps:           0
```

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-09-721-456-642 (1-3396)

```
Qy           1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           1 ATGCCACGTGCCCCACGTTGTCGTGCCGTTCGTTCTTTGTTGCGTTCTCACTACCGTGAA 60

Qy          21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          61 GTTTTGCCATTGGCCACCTTCGTTCGTCGTTTGGGTCCACAAGGTTGGCGTTTGGTTCAA 120

Qy          41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         121 CGTGGTGATCCAGCCGCCTTCCGTGCCTTGGTTGCCCAATGTTTGGTTTGTGTTCCATGG 180

Qy          61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db      181 GATGCCCGTCCACCACCAGCCGCCCCATCTTTCCGTCAAGTTTCTTGTTTGAAAGAATTG 240

Qy       81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      241 GTTGCCCGTGTTTTGCAACGTTTGTGTGAACGTGGTGCCAAAAACGTTTTGGCCTTCGGT 300

Qy      101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      301 TTCGCCTTGTTGGATGGTGCCCGTGGTGGTCCACCAGAAGCCTTCACCACCTCTGTTCGT 360

Qy      121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      361 TCTTACTTGCCAAACACCGTTACCGATGCCTTGCGTGGTTCTGGTGCCTGGGGTTTGTTG 420

Qy      141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      421 TTGCGTCGTGTTGGTGATGATGTTTTGGTTCACTTGTTGGCCCGTTGTGCCTTGTTCGTT 480

Qy      161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      481 TTGGTTGCCCCATCTTGTGCCTACCAAGTTTGTGGTCCACCATTGTACCAATTGGGTGCC 540

Qy      181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      541 GCCACCCAAGCCCGTCCACCACCACACGCCTCTGGTCCACGTCGTCGTTTGGGTTGTGAA 600

Qy      201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      601 CGTGCCTGGAACCACTCTGTTCGTGAAGCCGGTGTTCCATTGGGTTTGCCAGCCCCAGGT 660

Qy      221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      661 GCCCGTCGTCGTGGTGGTTCTGCCTCTCGTTCTTTGCCATTGCCAAAACGTCCACGTCGT 720

Qy      241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      721 GGTGCCGCCCCAGAACCAGAACGTACCCCAGTTGGTCAAGGTTCTTGGGCCCACCCAGGT 780

Qy      261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      781 CGTACCCGTGGTCCATCTGATCGTGGTTTCTGTGTTGTTTCTCCAGCCCGTCCAGCCGAA 840

Qy      281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      841 GAAGCCACCTCTTTGGAAGGTGCCTTGTCTGGTACCCGTCACTCTCACCCATCTGTTGGT 900

Qy      301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      901 CGTCAACACCACGCCGGTCCACCATCTACCTCTCGTCCACCACGTCCATGGGATACCCCA 960

Qy      321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      961 TGTCCACCAGTTTACGCCGAAACCAAACACTTCTTGTACTCTTCTGGTGATAAAGAACAA 1020

Qy      341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1021 TTGCGTCCATCTTTCTTGTTGTCTTCTTTGCGTCCATCTTTGACCGGTGCCCGTCGTTTG 1080

Qy      361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1081 GTTGAAACCATTTTCTTGGGTTCTCGTCCATGGATGCCAGGTACCCCACGTCGTTTGCCA 1140

Qy      381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1141 CGTTTGCCACAACGTTACTGGCAAATGCGTCCATTGTTCTTGGAATTGTTGGGTAACCAC 1200

Qy      401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1201 GCCCAATGTCCATACGGTGTTTTGTTGAAAACCCACTGTCCATTGCGTGCCGCCGTTACC 1260

Qy      421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1261 CCAGCCGCCGGTGTTTGTGCCCGTGAAAAACCACAAGGTTCTGTTGCCGCCCCAGAAGAA 1320

Qy      441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1321 GAAGATACCGATCCACGTCGTTTGGTTCAATTGTTGCGTCAACACTCTTCTCCATGGCAA 1380

Qy      461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1381 GTTTACGGTTTCGTTCGTGCCTGTTTGCGTCGTTTGGTTCCACCAGGTTTGTGGGGTTCT 1440

Qy      481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1441 CGTCACAACGAACGTCGTTTCTTGCGTAACACCAAAAAATTCATTTCTTTGGGTAAACAC 1500

Qy      501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1501 GCCAAATTGTCTTTGCAAGAATTGACCTGGAAAATGTCTGTTCGTGATTGTGCCTGGTTG 1560

Qy      521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1561 CGTCGTTCTCCAGGTGTTGGTTGTGTTCCAGCCGCCGAACACCGTTTGCGTGAAGAAATT 1620

Qy      541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1621 TTGGCCAAATTCTTGCACTGGTTGATGTCTGTTTACGTTGTTGAATTGTTGCGTTCTTTC 1680

Qy      561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1681 TTCTACGTTACCGAAACCACCTTCCAAAAAAACCGTTTGTTCTTCTACCGTAAATCTGTT 1740

Qy      581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1741 TGGTCTAAATTGCAATCTATTGGTATTCGTCAACACTTGAAACGTGTTCAATTGCGTGAA 1800

Qy      601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1801 TTGTCTGAAGCCGAAGTTCGTCAACACCGTGAAGCCCGTCCAGCCTTGTTGACCTCTCGT 1860

Qy      621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1861 TTGCGTTTCATTCCAAAACCAGATGGTTTGCGTCCAATTGTTAACATGGATTACGTTGTT 1920

Qy      641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1921 GGTGCCCGTACCTTCCGTCGTGAAAAACGTGCCGAACGTTTGACCTCTCGTGTTAAAGCC 1980

Qy      661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1981 TTGTTCTCTGTTTTGAACTACGAACGTGCCCGTCGTCCAGGTTTGTTGGGTGCCTCTGTT 2040

Qy      681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2041 TTGGGTTTGGATGATATTCACCGTGCCTGGCGTACCTTCGTTTTGCGTGTTCGTGCCCAA 2100

Qy      701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2101 GATCCACCACCAGAATTGTACTTCGTTAAAGTTGATGTTACCGGTGCCTACGATACCATT 2160

Qy      721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2161 CCACAAGATCGTTTGACCGAAGTTATTGCCTCTATTATTAAACCACAAAACACCTACTGT 2220

Qy      741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2221 GTTCGTCGTTACGCCGTTGTTCAAAAAGCCGCCCACGGTCACGTTCGTAAAGCCTTCAAA 2280

Qy      761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2281 TCTCACGTTTCTACCTTGACCGATTTGCAACCATACATGCGTCAATTCGTTGCCCACTTG 2340

Qy      781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2341 CAAGAAACCTCTCCATTGCGTGATGCCGTTGTTATTGAACAATCTTCTTCTTTGAACGAA 2400
```

```
Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GCCTCTTCTGGTTTGTTCGATGTTTTCTTGCGTTTCATGTGTCACCACGCCGTTCGTATT 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CGTGGTAAATCTTACGTTCAATGTCAAGGTATTCCACAAGGTTCTATTTTGTCTACCTTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 TTGTGTTCTTTGTGTTACGGTGATATGGAAAACAAATTGTTCGCCGGTATTCGTCGTGAT 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 GGTTTGTTGTTGCGTTTGGTTGATGATTTCTTGTTGGTTACCCCACACTTGACCCACGCC 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AAAACCTTCTTGCGTACCTTGGTTCGTGGTGTTCCAGAATACGGTTGTGTTGTTAACTTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CGTAAAACCGTTGTTAACTTCCCAGTTGAAGATGAAGCCTTGGGTGGTACCGCCTTCGTT 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CAAATGCCAGCCCACGGTTTGTTCCCATGGTGTGGTTTGTTGTTGGATACCCGTACCTTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAAGTTCAATCTGATTACTCTTCTTACGCCCGTACCTCTATTCGTGCCTCTTTGACCTTC 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 AACCGTGGTTTCAAAGCCGGTCGTAACATGCGTCGTAAATTGTTCGGTGTTTTGCGTTTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AAATGTCACTCTTTGTTCTTGGATTTGCAAGTTAACTCTTTGCAAACCGTTTGTACCAAC 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATTTACAAAATTTTGTTGTTGCAAGCCTACCGTTTCCACGCCTGTGTTTTGCAATTGCCA 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTCCACCAACAAGTTTGGAAAAACCCAACCTTCTTCTTGCGTGTTATTTCTGATACCGCC 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCTTTGTGTTACTCTATTTTGAAAGCCAAAAACGCCGGTATGTCTTTGGGTGCCAAAGGT 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCCGCCGGTCCATTGCCATCTGAAGCCGTTCAATGGTTGTGTCACCAAGCCTTCTTGTTG 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAATTGACCCGTCACCGTGTTACCTACGTTCCATTGTTGGGTTCTTTGCGTACCGCCCAA 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACCCAATTGTCTCGTAAATTGCCAGGTACCACCTTGACCGCCTTGGAAGCCGCCGCCAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCAGCCTTGCCATCTGATTTCAAAACCATTTTGGAT 3396
```

```
RESULT 11
US-08-974-549A-721
; Sequence 721, Application US/08974549A
; Patent No. 6166178
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Cech, Thomas R.
;    APPLICANT:  Lingner, Joachim
;    APPLICANT:  Nakamura, Toru
;    APPLICANT:  Chapman, Karen B.
;    APPLICANT:  Morin, Gregg B.
;    APPLICANT:  Harley, Calvin B.
;    APPLICANT:  Andrews, William H.
;    TITLE OF INVENTION:  Human Telomerase Catalytic Subunit
;    NUMBER OF SEQUENCES:  727
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  94111-3834
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/974,549A
;      FILING DATE:  19-NOV-1997
;      CLASSIFICATION:  536
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;      FILING DATE:  01-OCT-1996
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;      FILING DATE:  18-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;      FILING DATE:  25-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/851,843
;      FILING DATE:  06-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/854,050
;      FILING DATE:  09-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/911,312
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/912,951
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/915,503
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17618
;      FILING DATE:  01-OCT-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17885
;      FILING DATE:  01-OCT-1997
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Apple, Randolph Ted
;      REGISTRATION NUMBER:  36,429
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  015389-002610US
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  (415) 576-0200
;      TELEFAX:  (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  721:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  3451 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  DNA
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  1..3451
;      OTHER INFORMATION:  /note= "hTRT sequence employing codon
```

```
;      OTHER INFORMATION:  distribution preferentially used by
;      OTHER INFORMATION:  highly expressed genes in E. coli
;      OTHER INFORMATION:  containing SacI and XhoI sites"
US-08-974-549A-721

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:         3451
Score:                  5961.00        Matches:        1132
Percent Similarity:     100.00%        Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%        Mismatches:     0
Query Match:            100.00%        Indels:         0
DB:                     3              Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-08-974-549A-721 (1-3451)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         28 ATGCCGCGTGCTCCGCGTTGCCGTGCTGTTCGTTCCCTGCTGCGTTCCCACTATCGCGAA 87

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         88 GTTCTGCCGCTGGCTACCTTCGTTCGTCGTCTGGGCCCGCAGGGTTGGCGTCTGGTTCAG 147

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        148 CGTGGTGACCCGGCTGCTTTCCGTGCTCTGGTTGCTCAGTGCCTGGTTTGCGTTCCGTGG 207

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        208 GACGCTCGTCCGCCGCCGGCTGCTCCGTCCTTCCGTCAGGTTTCCTGCCTGAAAGAACTG 267

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        268 GTTGCTCGTGTTCTGCAGCGTCTGTGCGAACGTGGTGCTAAAAACGTTCTGGCTTTCGGT 327

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        328 TTCGCTCTGCTGGACGGTGCTCGTGGTGGTCCGCCGGAAGCATTCACCACCTCCGTTCGT 387

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        388 TCCTACCTGCCGAACACCGTTACCGACGCTCTGCGTGGTTCCGGTGCTTGGGGTCTGCTG 447

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        448 CTGCGTCGTGTTGGTGACGACGTTCTGGTTCACCTGCTGGCTCGTTGCGCTCTGTTCGTT 507

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        508 CTGGTTGCTCCGTCCTGCGCTTACCAGGTTTGTGGTCCGCCGCTGTACCAGCTGGGTGCT 567

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        568 GCTACCCAGGCTCGTCCGCCGCCGCACGCTTCCGGTCCGCGTCGTCGTCTGGGTTGCGAA 627

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        628 CGTGCTTGGAACCACTCCGTTCGTGAAGCTGGTGTTCCGCTGGGTCTGCCGGCTCCGGGT 687

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        688 GCTCGTCGTCGTGGTGGTTCCGCTTCCCGTTCCCTGCCGCTGCCGAAACGTCCGCGTCGT 747

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        748 GGTGCTGCTCCGGAACCGGAACGTACCCCGGTTGGTCAGGGTTCCTGGGCTCACCCGGGT 807

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        808 CGTACCCGTGGTCCGTCCGACCGTGGTTTCTGCGTTGTTTCCCCGGCTCGTCCGGCTGAA 867

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        868 GAAGCTACCTCCCTGGAAGGTGCTCTGTCCGGCACCCGTCACTCCCACCCGTCCGTTGGT 927

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        928 CGTCAGCACCACGCTGGTCCGCCGTCCACCTCCCGTCCGCCGCGTCCGTGGGACACCCCG 987

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        988 TGCCCGCCGGTTTACGCTGAAACCAAACACTTCCTGTACTCCTCCGGTGACAAAGAACAG 1047

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1048 CTGCGTCCGTCCTTCCTGCTGTCCTCCCTGCGTCCGTCCCTGACCGGTGCTCGTCGTCTG 1107

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1108 GTTGAAACTATCTTCCTGGGTTCCCGTCCGTGGATGCCGGGCACCCCGCGTCGTCTGCCG 1167

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1168 CGTCTGCCGCAGCGTTACTGGCAGATGCGTCCGCTGTTCCTGGAACTGCTGGGCAACCAC 1227

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1228 GCTCAGTGCCCGTATGGTGTTCTGCTGAAAACCCACTGCCCGCTGCGTGCTGCTGTTACC 1287

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1288 CCGGCTGCTGGTGTTTGCGCTCGTGAAAAACCGCAGGGTTCCGTTGCTGCTCCGGAAGAA 1347

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1348 GAAGATACCGACCCGCGTCGTCTGGTTCAGCTGCTGCGTCAGCACTCCTCCCCGTGGCAG 1407

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1408 GTTTACGGTTTCGTTCGTGCATGCCTGCGTCGTCTGGTTCCGCCGGGTCTGTGGGGTTCC 1467

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1468 CGTCACAACGAACGTCGTTTCCTGCGTAACACCAAAAAATTCATCTCCCTGGGTAAACAC 1527

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1528 GCTAAACTGTCCCTGCAGGAACTGACCTGGAAAATGTCCGTTCGTGACTGCGCTTGGCTG 1587

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1588 CGTCGTTCTCCGGGTGTTGGTTGCGTTCCGGCTGCTGAACACCGTCTGCGTGAAGAAATC 1647

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1648 CTGGCTAAATTCCTGCACTGGCTGATGTCCGTATACGTTGTTGAACTGCTGCGTTCCTTC 1707

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1708 TTCTACGTTACCGAAACCACCTTCCAGAAAAACCGTCTGTTCTTCTACCGTAAATCCGTT 1767

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1768 TGGTCCAAACTGCAGTCCATCGGTATCCGTCAGCACCTGAAACGTGTTCAGCTGCGTGAA 1827

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1828 CTGTCCGAAGCTGAAGTTCGTCAGCACCGTGAAGCTCGTCCGGCTCTGCTGACCTCCCGT 1887

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1888 CTGCGTTTCATCCCGAAACCGGACGGTCTGCGTCCGATCGTAAACATGGACTACGTTGTT 1947

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1948 GGTGCTCGTACCTTCCGTCGTGAAAAACGTGCTGAGCGTCTGACCTCCCGTGTTAAAGCT 2007
```

```
Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2008 CTGTTCTCCGTTCTGAACTACGAACGTGCTCGTCGTCCGGGTCTGCTGGGTGCTTCCGTT 2067

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2068 CTGGGTCTGGACGACATCCACCGTGCTTGGCGTACCTTCGTTCTGCGTGTTCGTGCTCAG 2127

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2128 GACCCGCCGCCGGAACTGTACTTCGTTAAAGTTGACGTTACCGGCGCGTACGACACCATC 2187

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2188 CCGCAGGACCGTCTGACCGAAGTTATCGCTTCCATCATCAAACCGCAGAACACCTACTGC 2247

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2248 GTTCGTCGTTACGCTGTTGTTCAGAAAGCTGCTCACGGTCACGTTCGTAAAGCATTCAAA 2307

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2308 TCCCACGTTTCCACCCTGACCGACCTGCAGCCGTACATGCGTCAGTTCGTTGCTCACCTG 2367

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2368 CAGGAAACCTCCCCGCTGCGTGACGCTGTTGTTATCGAACAGTCCTCCTCCCTGAACGAA 2427

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2428 GCTTCCTCCGGTCTGTTCGACGTTTTCCTGCGTTTCATGTGCCACCACGCTGTTCGTATC 2487

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2488 CGTGGTAAATCCTACGTTCAGTGCCAGGGTATCCCGCAGGGTTCCATCCTGTCCACCCTG 2547

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2548 CTGTGCTCCCTGTGCTACGGTGACATGGAAAACAAACTGTTCGCTGGTATCCGTCGTGAC 2607

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2608 GGTCTGCTGCTGCGTCTGGTTGACGACTTCCTGCTGGTTACTCCGCACCTGACCCACGCT 2667

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2668 AAAACCTTCCTGCGTACCCTGGTTCGTGGTGTTCCGGAATACGGTTGCGTTGTAAACCTG 2727

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2728 CGTAAAACCGTTGTTAACTTCCCGGTTGAAGACGAAGCTCTGGGTGGCACCGCTTTCGTT 2787

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2788 CAGATGCCGGCTCACGGTCTGTTCCCGTGGTGCGGTCTGCTGCTGGACACCCGTACCCTG 2847

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2848 GAAGTTCAGTCCGACTACTCCTCCTACGCTCGTACCTCCATCCGTGCTTCCCTGACCTTC 2907

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2908 AACCGTGGTTTCAAAGCTGGTCGTAACATGCGTCGTAAACTGTTCGGTGTTCTGCGTCTG 2967

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2968 AAATGCCACTCCCTGTTCCTGGACCTGCAGGTAAACTCCCTGCAGACCGTTTGCACCAAC 3027

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3028 ATCTACAAAATCCTGCTGCTGCAGGCTTACCGTTTCCACGCGTGCGTTCTGCAGCTGCCG 3087

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3088 TTCCACCAGCAGGTTTGGAAAAACCCGACCTTCTTCCTGCGTGTTATCTCCGACACCGCT 3147

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3148 TCCCTGTGCTACTCCATCCTGAAAGCTAAAAACGCTGGTATGTCCCTGGGTGCTAAAGGT 3207

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3208 GCTGCTGGTCCGCTGCCGTCCGAAGCTGTTCAGTGGCTGTGCCACCAGGCTTTCCTGCTG 3267

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3268 AAACTGACCCGTCACCGTGTTACCTACGTTCCGCTGCTGGGTTCCCTGCGTACCGCTCAG 3327

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3328 ACCCAGCTGTCCCGTAAACTGCCGGGTACCACCCTGACCGCTCTGGAAGCTGCTGCTAAC 3387

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3388 CCGGCTCTGCCGTCCGACTTCAAAACCATCCTGGAC 3423
```

```
RESULT 12
US-09-721-456-721
; Sequence 721, Application US/09721456
; Patent No. 6617110
;  GENERAL INFORMATION:
;       APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                  Lingner, Joachim
;                  Nakamura, Toru
;                  Chapman, Karen B.
;                  Morin, Gregg B.
;                  Harley, Calvin B.
;                  Andrews, William H.
;       TITLE OF INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit
;       NUMBER OF SEQUENCES: 727
;       CORRESPONDENCE ADDRESS:
;            ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;            STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;            CITY: San Francisco
;            STATE: California
;            COUNTRY: USA
;            ZIP: 94111-3834
;       COMPUTER READABLE FORM:
;            MEDIUM TYPE: Floppy disk
;            COMPUTER: IBM PC compatible
;            OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;            SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;       CURRENT APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/09/721,456
;            FILING DATE: 22-No. 6617110-2000
;            CLASSIFICATION: <Unknown>
;       PRIOR APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/08/974,549A
;            FILING DATE: 19-NOV-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;            FILING DATE: 01-OCT-1996
;            APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;            FILING DATE: 18-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;            FILING DATE: 25-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;            FILING DATE: 06-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;            FILING DATE: 09-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/911,312
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/912,951
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
```

```
;           APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17618
;           FILING DATE: 01-OCT-1997
;           APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;           FILING DATE: 01-OCT-1997
;       ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;           NAME: Apple, Randolph Ted
;           REGISTRATION NUMBER: 36,429
;           REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002610US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;           TELEPHONE: (415) 576-0200
;           TELEFAX: (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO: 721:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;           LENGTH: 3451 base pairs
;           TYPE: nucleic acid
;           STRANDEDNESS: single
;           TOPOLOGY: linear
;       MOLECULE TYPE: DNA
;       FEATURE:
;           NAME/KEY:  -
;           LOCATION:  1..3451
;           OTHER INFORMATION:  /note= "hTRT sequence employing codon
;           distribution preferentially used by
;           highly expressed genes in E. coli
;           containing SacI and XhoI sites"
;       SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 721:
US-09-721-456-721

Alignment Scores:
Pred. No.:              0             Length:         3451
Score:                  5961.00       Matches:        1132
Percent Similarity:     100.00%       Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%       Mismatches:     0
Query Match:            100.00%       Indels:         0
DB:                     4             Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-09-721-456-721 (1-3451)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         28 ATGCCGCGTGCTCCGCGTTGCCGTGCTGTTCGTTCCCTGCTGCGTTCCCACTATCGCGAA 87

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         88 GTTCTGCCGCTGGCTACCTTCGTTCGTCGTCTGGGCCCGCAGGGTTGGCGTCTGGTTCAG 147

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        148 CGTGGTGACCCGGCTGCTTTCCGTGCTCTGGTTGCTCAGTGCCTGGTTTGCGTTCCGTGG 207

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        208 GACGCTCGTCCGCCGCCGGCTGCTCCGTCCTTCCGTCAGGTTTCCTGCCTGAAAGAACTG 267

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        268 GTTGCTCGTGTTCTGCAGCGTCTGTGCGAACGTGGTGCTAAAAACGTTCTGGCTTTCGGT 327

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        328 TTCGCTCTGCTGGACGGTGCTCGTGGTGGTCCGCCGGAAGCATTCACCACCTCCGTTCGT 387

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        388 TCCTACCTGCCGAACACCGTTACCGACGCTCTGCGTGGTTCCGGTGCTTGGGGTCTGCTG 447

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        448 CTGCGTCGTGTTGGTGACGACGTTCTGGTTCACCTGCTGGCTCGTTGCGCTCTGTTCGTT 507

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        508 CTGGTTGCTCCGTCCTGCGCTTACCAGGTTTGTGGTCCGCCGCTGTACCAGCTGGGTGCT 567

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        568 GCTACCCAGGCTCGTCCGCCGCCGCACGCTTCCGGTCCGCGTCGTCGTCTGGGTTGCGAA 627

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        628 CGTGCTTGGAACCACTCCGTTCGTGAAGCTGGTGTTCCGCTGGGTCTGCCGGCTCCGGGT 687

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        688 GCTCGTCGTCGTGGTGGTTCCGCTTCCCGTTCCCTGCCGCTGCCGAAACGTCCGCGTCGT 747

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        748 GGTGCTGCTCCGGAACCGGAACGTACCCCGGTTGGTCAGGGTTCCTGGGCTCACCCGGGT 807

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        808 CGTACCCGTGGTCCGTCCGACCGTGGTTTCTGCGTTGTTTCCCCGGCTCGTCCGGCTGAA 867

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        868 GAAGCTACCTCCCTGGAAGGTGCTCTGTCCGGCACCCGTCACTCCCACCCGTCCGTTGGT 927

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        928 CGTCAGCACCACGCTGGTCCGCCGTCCACCTCCCGTCCGCCGCGTCCGTGGGACACCCCG 987

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        988 TGCCCGCCGGTTTACGCTGAAACCAAACACTTCCTGTACTCCTCCGGTGACAAAGAACAG 1047

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1048 CTGCGTCCGTCCTTCCTGCTGTCCTCCCTGCGTCCGTCCCTGACCGGTGCTCGTCGTCTG 1107

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1108 GTTGAAACTATCTTCCTGGGTTCCCGTCCGTGGATGCCGGGCACCCCGCGTCGTCTGCCG 1167

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1168 CGTCTGCCGCAGCGTTACTGGCAGATGCGTCCGCTGTTCCTGGAACTGCTGGGCAACCAC 1227

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1228 GCTCAGTGCCCGTATGGTGTTCTGCTGAAAACCCACTGCCCGCTGCGTGCTGCTGTTACC 1287

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1288 CCGGCTGCTGGTGTTTGCGCTCGTGAAAAACCGCAGGGTTCCGTTGCTGCTCCGGAAGAA 1347

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1348 GAAGATACCGACCCGCGTCGTCTGGTTCAGCTGCTGCGTCAGCACTCCTCCCCGTGGCAG 1407

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1408 GTTTACGGTTTCGTTCGTGCATGCCTGCGTCGTCTGGTTCCGCCGGGTCTGTGGGGTTCC 1467

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1468 CGTCACAACGAACGTCGTTTCCTGCGTAACACCAAAAAATTCATCTCCCTGGGTAAACAC 1527

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1528 GCTAAACTGTCCCTGCAGGAACTGACCTGGAAAATGTCCGTTCGTGACTGCGCTTGGCTG 1587

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1588 CGTCGTTCTCCGGGTGTTGGTTGCGTTCCGGCTGCTGAACACCGTCTGCGTGAAGAAATC 1647
```

```
Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1648 CTGGCTAAATTCCTGCACTGGCTGATGTCCGTATACGTTGTTGAACTGCTGCGTTCCTTC 1707

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1708 TTCTACGTTACCGAAACCACCTTCCAGAAAAACCGTCTGTTCTTCTACCGTAAATCCGTT 1767

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1768 TGGTCCAAACTGCAGTCCATCGGTATCCGTCAGCACCTGAAACGTGTTCAGCTGCGTGAA 1827

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1828 CTGTCCGAAGCTGAAGTTCGTCAGCACCGTGAAGCTCGTCCGGCTCTGCTGACCTCCCGT 1887

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1888 CTGCGTTTCATCCCGAAACCGGACGGTCTGCGTCCGATCGTAAACATGGACTACGTTGTT 1947

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1948 GGTGCTCGTACCTTCCGTCGTGAAAAACGTGCTGAGCGTCTGACCTCCCGTGTTAAAGCT 2007

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2008 CTGTTCTCCGTTCTGAACTACGAACGTGCTCGTCGTCCGGGTCTGCTGGGTGCTTCCGTT 2067

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2068 CTGGGTCTGGACGACATCCACCGTGCTTGGCGTACCTTCGTTCTGCGTGTTCGTGCTCAG 2127

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2128 GACCCGCCGCCGGAACTGTACTTCGTTAAAGTTGACGTTACCGGCGCGTACGACACCATC 2187

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2188 CCGCAGGACCGTCTGACCGAAGTTATCGCTTCCATCATCAAACCGCAGAACACCTACTGC 2247

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2248 GTTCGTCGTTACGCTGTTGTTCAGAAAGCTGCTCACGGTCACGTTCGTAAAGCATTCAAA 2307

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2308 TCCCACGTTTCCACCCTGACCGACCTGCAGCCGTACATGCGTCAGTTCGTTGCTCACCTG 2367

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2368 CAGGAAACCTCCCCGCTGCGTGACGCTGTTGTTATCGAACAGTCCTCCTCCCTGAACGAA 2427

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2428 GCTTCCTCCGGTCTGTTCGACGTTTTCCTGCGTTTCATGTGCCACCACGCTGTTCGTATC 2487

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2488 CGTGGTAAATCCTACGTTCAGTGCCAGGGTATCCCGCAGGGTTCCATCCTGTCCACCCTG 2547

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2548 CTGTGCTCCCTGTGCTACGGTGACATGGAAAACAAACTGTTCGCTGGTATCCGTCGTGAC 2607

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2608 GGTCTGCTGCTGCGTCTGGTTGACGACTTCCTGCTGGTTACTCCGCACCTGACCCACGCT 2667

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2668 AAAACCTTCCTGCGTACCCTGGTTCGTGGTGTTCCGGAATACGGTTGCGTTGTAAACCTG 2727

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2728 CGTAAAACCGTTGTTAACTTCCCGGTTGAAGACGAAGCTCTGGGTGGCACCGCTTTCGTT 2787

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2788 CAGATGCCGGCTCACGGTCTGTTCCCGTGGTGCGGTCTGCTGCTGGACACCCGTACCCTG 2847

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2848 GAAGTTCAGTCCGACTACTCCTCCTACGCTCGTACCTCCATCCGTGCTTCCCTGACCTTC 2907

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2908 AACCGTGGTTTCAAAGCTGGTCGTAACATGCGTCGTAAACTGTTCGGTGTTCTGCGTCTG 2967

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2968 AAATGCCACTCCCTGTTCCTGGACCTGCAGGTAAACTCCCTGCAGACCGTTTGCACCAAC 3027

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3028 ATCTACAAAATCCTGCTGCTGCAGGCTTACCGTTTCCACGCGTGCGTTCTGCAGCTGCCG 3087

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3088 TTCCACCAGCAGGTTTGGAAAAACCCGACCTTCTTCCTGCGTGTTATCTCCGACACCGCT 3147

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3148 TCCCTGTGCTACTCCATCCTGAAAGCTAAAAACGCTGGTATGTCCCTGGGTGCTAAAGGT 3207

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3208 GCTGCTGGTCCGCTGCCGTCCGAAGCTGTTCAGTGGCTGTGCCACCAGGCTTTCCTGCTG 3267

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3268 AAACTGACCCGTCACCGTGTTACCTACGTTCCGCTGCTGGGTTCCCTGCGTACCGCTCAG 3327

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3328 ACCCAGCTGTCCCGTAAACTGCCGGGTACCACCCTGACCGCTCTGGAAGCTGCTGCTAAC 3387

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3388 CCGGCTCTGCCGTCCGACTTCAAAACCATCCTGGAC 3423
```

```
RESULT 13
US-08-851-843A-224
; Sequence 224, Application US/08851843A
; Patent No. 6093809
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Cech, Thomas R.
;    APPLICANT:  Lingner, Joachim
;    APPLICANT:  Nakamura, Toru
;    APPLICANT:  Chapman, Karen B.
;    APPLICANT:  Morin, Gregg B.
;    APPLICANT:  Harley, Calvin
;    APPLICANT:  Andrews, William H.
;    TITLE OF INVENTION:  No. 6093809el Telomerase
;    NUMBER OF SEQUENCES:  225
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, 8th Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  United States of America
;      ZIP:  94111
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
```

```
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/851,843A
;      FILING DATE:  06-MAY-1997
;      CLASSIFICATION:
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;      FILING DATE:  25-APR-1997
;      CLASSIFICATION:
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;      FILING DATE:  18-APR-1997
;      CLASSIFICATION:
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;      FILING DATE:  01-OCT-1996
;      CLASSIFICATION:
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Apple,  Randolph T.
;      REGISTRATION NUMBER:  36,429
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  015389-002930US
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  (415) 576-0200
;      TELEFAX:  (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  224:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  4015 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  cDNA
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  CDS
;      LOCATION:  56..3454
;      OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;      OTHER INFORMATION:  /note= "human telomerase reverse
;      OTHER INFORMATION:  transcriptase (hTRT) catalytic protein
;      OTHER INFORMATION:  component"
US-08-851-843A-224

Alignment Scores:
Pred. No.:              0          Length:        4015
Score:                  5961.00    Matches:       1132
Percent Similarity:     100.00%    Conservative:  0
Best Local Similarity:  100.00%    Mismatches:    0
Query Match:            100.00%    Indels:        0
DB:                     3          Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-08-851-843A-224 (1-4015)

Qy      1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy     21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy     41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy     61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy     81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy    101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy    121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy    141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535

Qy    161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy    181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655

Qy    201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy    221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775

Qy    241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835

Qy    261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895

Qy    281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955

Qy    301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1015

Qy    321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075

Qy    341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy    361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy    381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy    401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy    421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy    441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy    461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495

Qy    481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451
```

RESULT 14
US-08-974-549A-1
; Sequence 1, Application US/08974549A
; Patent No. 6166178
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Cech, Thomas R.
; APPLICANT: Lingner, Joachim
; APPLICANT: Nakamura, Toru
; APPLICANT: Chapman, Karen B.
; APPLICANT: Morin, Gregg B.
; APPLICANT: Harley, Calvin B.
; APPLICANT: Andrews, William H.
; TITLE OF INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit
; NUMBER OF SEQUENCES: 727
; CORRESPONDENCE ADDRESS:

```
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  94111-3834
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/974,549A
;      FILING DATE:  19-NOV-1997
;      CLASSIFICATION:  536
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;      FILING DATE:  01-OCT-1996
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;      FILING DATE:  18-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;      FILING DATE:  25-APR-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/851,843
;      FILING DATE:  06-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/854,050
;      FILING DATE:  09-MAY-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/911,312
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/912,951
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/915,503
;      FILING DATE:  14-AUG-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17618
;      FILING DATE:  01-OCT-1997
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US97/17885
;      FILING DATE:  01-OCT-1997
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Apple, Randolph Ted
;      REGISTRATION NUMBER:  36,429
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  015389-002610US
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  (415) 576-0200
;      TELEFAX:  (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  1:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  4015 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  cDNA
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  CDS
;      LOCATION:  56..3454
;      OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;      OTHER INFORMATION:  /note= "human telomerase reverse
;      OTHER INFORMATION:  transcriptase (hTRT) catalytic protein
;      OTHER INFORMATION:  component"
US-08-974-549A-1

Alignment Scores:
Pred. No.:              0            Length:          4015
Score:                  5961.00      Matches:         1132
Percent Similarity:     100.00%      Conservative:    0
Best Local Similarity:  100.00%      Mismatches:      0
```

```
Query Match:             100.00%        Indels:        0
DB:                      3              Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-08-974-549A-1 (1-4015)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1015

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075
```

```
Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy        1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy        1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy        1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451

RESULT 15
US-08-854-050-224
; Sequence 224, Application US/08854050
; Patent No. 6261836
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Cech, Thomas R.
;    APPLICANT:  Lingner, Joachim
;    APPLICANT:  Nakamura, Toru
;    APPLICANT:  Chapman, Karen B.
;    APPLICANT:  Morin, Gregg B.
;    APPLICANT:  Harley, Calvin
;    APPLICANT:  Andrews, William H.
;    TITLE OF INVENTION:  No. 6261836el Telomerase
;    NUMBER OF SEQUENCES:  225
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, 8th Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  United States of America
;      ZIP:  94111
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/854,050
;      FILING DATE:  09-MAY-1997
;      CLASSIFICATION:  536
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/851,843
;      FILING DATE:  06-MAY-1997
;      CLASSIFICATION:  536
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/846,017
;      FILING DATE:  25-APR-1997
;      CLASSIFICATION:  536
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/844,419
;      FILING DATE:  18-APR-1997
;      CLASSIFICATION:  536
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/724,643
;      FILING DATE:  01-OCT-1996
;      CLASSIFICATION:  536
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Apple,  Randolph T.
;      REGISTRATION NUMBER:  36,429
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  015389-002930US
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  (415) 576-0200
;      TELEFAX:  (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  224:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  4015 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  cDNA
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  CDS
;      LOCATION:  56..3454
;      OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;      OTHER INFORMATION:  /note= "human telomerase reverse
;      OTHER INFORMATION:  transcriptase (hTRT) catalytic protein
;      OTHER INFORMATION:  component"
US-08-854-050-224

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:        4015
Score:                  5961.00        Matches:       1132
Percent Similarity:     100.00%        Conservative:  0
Best Local Similarity:  100.00%        Mismatches:    0
Query Match:            100.00%        Indels:        0
DB:                     3              Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-08-854-050-224 (1-4015)

Qy           1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy          21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy          41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy          61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy          81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy         101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy         121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy         141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535

Qy         161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy         181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655

Qy         201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy         221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775

Qy         241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835

Qy         261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1015

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055
```

```
Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451
```

Search completed: October 28, 2004, 15:24:24
Job time : 432 secs

```
OM protein - nucleic search, using frame_plus_p2n model

Run on:         October 28, 2004, 09:37:01 ; Search time 11351 Seconds
                                          (without alignments)
                                          4716.055 Million cell updates/sec

Title:          US-10-044-692-2
Perfect score:  5961
Sequence:       1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYRE..........TALEAAANPALPSDFKTILD 1132

Scoring table:  BLOSUM62
                Xgapop 10.0 , Xgapext  0.5
                Ygapop 10.0 , Ygapext  0.5
                Fgapop  6.0 , Fgapext  7.0
                Delop   6.0 , Delext   7.0

Searched:       4526729 seqs, 23644849745 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      9053458

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Command line parameters:
-MODEL=frame+_p2n.model -DEV=xlh
-Q=/cgn2_1/USPTO_spool/US10044692/runat_28102004_103654_1358/app_query.fasta_1.1287
-DB=GenEmbl -QFMT=fastap -SUFFIX=rge -MINMATCH=0.1 -LOOPCL=0 -LOOPEXT=0
-UNITS=bits -START=1 -END=-1 -MATRIX=blosum62 -TRANS=human40.cdi -LIST=45
-DOCALIGN=200 -THR_SCORE=pct -THR_MAX=100 -THR_MIN=0 -ALIGN=15 -MODE=LOCAL
-OUTFMT=pto -NORM=ext -HEAPSIZE=500 -MINLEN=0 -MAXLEN=2000000000
-USER=US10044692_@CGN_1_1_6972_@runat_28102004_103654_1358 -NCPU=6 -ICPU=3
-NO_MMAP -LARGEQUERY -NEG_SCORES=0 -WAIT -DSPBLOCK=100 -LONGLOG
-DEV_TIMEOUT=120 -WARN_TIMEOUT=30 -THREADS=1 -XGAPOP=10 -XGAPEXT=0.5 -FGAPOP=6
-FGAPEXT=7 -YGAPOP=10 -YGAPEXT=0.5 -DELOP=6 -DELEXT=7

Database :      GenEmbl:*
                1:  gb_ba:*
                2:  gb_htg:*
                3:  gb_in:*
                4:  gb_om:*
                5:  gb_ov:*
                6:  gb_pat:*
                7:  gb_ph:*
                8:  gb_pl:*
                9:  gb_pr:*
                10:  gb_ro:*
                11:  gb_sts:*
                12:  gb_sy:*
                13:  gb_un:*
                14:  gb_vi:*
```

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	% Query Match	Length	DB	ID	Description
1	5961	100.0	3396	6	AR393358	AR393358 Sequence
2	5961	100.0	3396	6	AR393359	AR393359 Sequence
3	5961	100.0	3396	6	AR393360	AR393360 Sequence
4	5961	100.0	3396	6	AR393361	AR393361 Sequence
5	5961	100.0	3396	6	AR393362	AR393362 Sequence
6	5961	100.0	3396	6	AX957656	AX957656 Sequence
7	5961	100.0	3396	6	BD091553	BD091553 Adult bon
8	5961	100.0	3396	6	BD094749	BD094749 The cell
9	5961	100.0	3396	6	BD096291	BD096291 Cells cap
10	5961	100.0	3399	6	AX481414	AX481414 Sequence
11	5961	100.0	3451	6	AR393441	AR393441 Sequence
12	5961	100.0	4015	6	AR104587	AR104587 Sequence
13	5961	100.0	4015	6	AR175848	AR175848 Sequence
14	5961	100.0	4015	6	BD218834	BD218834 Method an
15	5961	100.0	4015	6	E36793	E36793 Human telom
16	5961	100.0	4015	6	AR182221	AR182221 Sequence
17	5961	100.0	4015	6	AR224455	AR224455 Sequence
18	5961	100.0	4015	6	AR226390	AR226390 Sequence
19	5961	100.0	4015	6	AR243328	AR243328 Sequence
20	5961	100.0	4015	6	AR263555	AR263555 Sequence
21	5961	100.0	4015	6	AR265996	AR265996 Sequence
22	5961	100.0	4015	6	AR390470	AR390470 Sequence
23	5961	100.0	4015	6	AR393084	AR393084 Sequence
24	5961	100.0	4015	6	AR404030	AR404030 Sequence
25	5961	100.0	4015	6	AR438403	AR438403 Sequence
26	5961	100.0	4015	6	AX019310	AX019310 Sequence
27	5961	100.0	4015	6	AX133979	AX133979 Sequence
28	5961	100.0	4015	6	AX552695	AX552695 Sequence
29	5961	100.0	4015	6	AX810036	AX810036 Sequence
30	5961	100.0	4015	6	BD011044	BD011044 Human tel
31	5961	100.0	4015	6	BD015832	BD015832 Quantitat
32	5961	100.0	4015	6	BD082985	BD082985 Method fo
33	5961	100.0	4015	6	BD131727	BD131727 Method fo
34	5961	100.0	4015	9	AF015950	AF015950 Homo sapi
35	5961	100.0	4042	6	AX001446	AX001446 Sequence
36	5961	100.0	4042	6	AX003121	AX003121 Sequence
37	5961	100.0	4042	6	BD136185	BD136185 Human tel
38	5961	100.0	4070	6	AX391846	AX391846 Sequence
39	5959	100.0	4015	6	CQ717133	CQ717133 Sequence
40	5954	99.9	3396	6	BD196290	BD196290 Vertebrat
41	5954	99.9	3964	6	BD196267	BD196267 Vertebrat
42	5954	99.9	4027	6	BD233924	BD233924 Method an
43	5954	99.9	4027	9	AF018167	AF018167 Homo sapi
44	5954	99.9	8960	12	AF043739	AF043739 Synthetic
45	5952	99.8	4037	6	E36819	E36819 Human telom

ALIGNMENTS

```
RESULT 1
AR393358
LOCUS       AR393358                3396 bp    DNA     linear   PAT 18-DEC-2003
DEFINITION  Sequence 638 from patent US 6617110.
ACCESSION   AR393358
VERSION     AR393358.1  GI:40118784
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3396)
  AUTHORS   Cech,T.R., Lingner,J., Nakamura,T., Chapman,K.B., Morin,G.B.,
            Harley,C.B. and Andrews,W.H.
  TITLE     Cells immortalized with telomerase reverse transcriptase for use in
            drug screening
  JOURNAL   Patent: US 6617110-A 638 09-SEP-2003;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .3396
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              6.73e-151     Length:          3396
Score:                  5961.00       Matches:         1132
Percent Similarity:     100.00%       Conservative:    0
Best Local Similarity:  100.00%       Mismatches:      0
Query Match:            100.00%       Indels:          0
```

```
DB:                     6            Gaps:        0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AR393358 (1-3396)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCGCGCGCGCCGCGCTGCCGCGCGGTGCGCAGCCTGCTGCGCAGCCATTATCGCGAA 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTGCTGCCGCTGGCGACCTTTGTGCGCCGCCTGGGCCCGCAGGGCTGGCGCCTGGTGCAG 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CGCGGCGATCCGGCGGCGTTTCGCGCGCTGGTGGCGCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCGTGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GATGCGCGCCCGCCGCCGGCGGCGCCGAGCTTTCGCCAGGTGAGCTGCCTGAAAGAACTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTGGCGCGCGTGCTGCAGCGCCTGTGCGAACGCGGCGCGAAAAACGTGCTGGCGTTTGGC 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTTGCGCTGCTGGATGGCGCGCGCGGCGGCCCGCCGGAAGCGTTTACCACCAGCGTGCGC 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 AGCTATCTGCCGAACACCGTGACCGATGCGCTGCGCGGCAGCGGCGCGTGGGGCCTGCTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CTGCGCCGCGTGGGCGATGATGTGCTGGTGCATCTGCTGGCGCGCTGCGCGCTGTTTGTG 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CTGGTGGCGCCGAGCTGCGCGTATCAGGTGTGCGGCCCGCCGCTGTATCAGCTGGGCGCG 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCGACCCAGGCGCGCCCGCCGCCGCATGCGAGCGGCCCGCGCCGCCGCCTGGGCTGCGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CGCGCGTGGAACCATAGCGTGCGCGAAGCGGGCGTGCCGCTGGGCCTGCCGGCGCCGGGC 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCGCGCCGCCGCGGCGGCAGCGCGAGCCGCAGCCTGCCGCTGCCGAAACGCCCGCGCCGC 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGCGCGGCGCCGGAACCGGAACGCACCCCGGTGGGCCAGGGCAGCTGGGCGCATCCGGGC 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 CGCACCCGCGGCCCGAGCGATCGCGGCTTTTGCGTGGTGAGCCCGGCGCGCCCGGCGGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCGACCAGCCTGGAAGGCGCGCTGAGCGGCACCCGCCATAGCCATCCGAGCGTGGGC 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CGCCAGCATCATGCGGGCCCGCCGAGCACCAGCCGCCCGCCGCGCCCGTGGGATACCCCG 960

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGCCCGCCGGTGTATGCGGAAACCAAACATTTTCTGTATAGCAGCGGCGATAAAGAACAG 1020

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CTGCGCCCGAGCTTTCTGCTGAGCAGCCTGCGCCCGAGCCTGACCGGCGCGCGCCGCCTG 1080

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTGGAAACCATTTTTCTGGGCAGCCGCCCGTGGATGCCGGGCACCCCGCGCCGCCTGCCG 1140

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 CGCCTGCCGCAGCGCTATTGGCAGATGCGCCCGCTGTTTCTGGAACTGCTGGGCAACCAT 1200

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCGCAGTGCCCGTATGGCGTGCTGCTGAAAACCCATTGCCCGCTGCGCGCGGCGGTGACC 1260

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 CCGGCGGCGGGCGTGTGCGCGCGCGAAAAACCGCAGGGCAGCGTGGCGGCGCCGGAAGAA 1320

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GAAGATACCGATCCGCGCCGCCTGGTGCAGCTGCTGCGCCAGCATAGCAGCCCGTGGCAG 1380

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GTGTATGGCTTTGTGCGCGCGTGCCTGCGCCGCCTGGTGCCGCCGGGCCTGTGGGGCAGC 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGCCATAACGAACGCCGCTTTCTGCGCAACACCAAAAAATTTATTAGCCTGGGCAAACAT 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GCGAAACTGAGCCTGCAGGAACTGACCTGGAAAATGAGCGTGCGCGATTGCGCGTGGCTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CGCCGCAGCCCGGGCGTGGGCTGCGTGCCGGCGGCGGAACATCGCCTGCGCGAAGAAATT 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 CTGGCGAAATTTCTGCATTGGCTGATGAGCGTGTATGTGGTGGAACTGCTGCGCAGCTTT 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TTTTATGTGACCGAAACCACCTTTCAGAAAAACCGCCTGTTTTTTTATCGCAAAAGCGTG 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGGAGCAAACTGCAGAGCATTGGCATTCGCCAGCATCTGAAACGCGTGCAGCTGCGCGAA 1800

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CTGAGCGAAGCGGAAGTGCGCCAGCATCGCGAAGCGCGCCCGGCGCTGCTGACCAGCCGC 1860

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 CTGCGCTTTATTCCGAAACCGGATGGCCTGCGCCCGATTGTGAACATGGATTATGTGGTG 1920

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 GGCGCGCGCACCTTTCGCCGCGAAAAACGCGCGGAACGCCTGACCAGCCGCGTGAAAGCG 1980

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CTGTTTAGCGTGCTGAACTATGAACGCGCGCGCCGCCCGGGCCTGCTGGGCGCGAGCGTG 2040

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CTGGGCCTGGATGATATTCATCGCGCGTGGCGCACCTTTGTGCTGCGCGTGCGCGCGCAG 2100

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       2101 GATCCGCCGCCGGAACTGTATTTGTGAAAGTGGATGTGACCGGCGCGTATGATACCATT 2160

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 CCGCAGGATCGCCTGACCGAAGTGATTGCGAGCATTATTAAACCGCAGAACACCTATTGC 2220

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GTGCGCCGCTATGCGGTGGTGCAGAAAGCGGCGCATGGCCATGTGCGCAAAGCGTTTAAA 2280

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 AGCCATGTGAGCACCCTGACCGATCTGCAGCCGTATATGCGCCAGTTTGTGGCGCATCTG 2340

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CAGGAAACCAGCCCGCTGCGCGATGCGGTGGTGATTGAACAGAGCAGCAGCCTGAACGAA 2400

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GCGAGCAGCGGCCTGTTTGATGTGTTTCTGCGCTTTATGTGCCATCATGCGGTGCGCATT 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CGCGGCAAAAGCTATGTGCAGTGCCAGGGCATTCCGCAGGGCAGCATTCTGAGCACCCTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CTGTGCAGCCTGTGCTATGGCGATATGGAAAACAAACTGTTTGCGGGCATTCGCCGCGAT 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 GGCCTGCTGCTGCGCCTGGTGGATGATTTTCTGCTGGTGACCCCGCATCTGACCCATGCG 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AAAACCTTTCTGCGCACCCTGGTGCGCGGCGTGCCGGAATATGGCTGCGTGGTGAACCTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CGCAAAACCGTGGTGAACTTTCCGGTGGAAGATGAAGCGCTGGGCGGCACCGCGTTTGTG 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CAGATGCCGGCGCATGGCCTGTTTCCGTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGCACCCTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAAGTGCAGAGCGATTATAGCAGCTATGCGCGCACCAGCATTCGCGCGAGCCTGACCTTT 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 AACCGCGGCTTTAAAGCGGGCCGCAACATGCGCCGCAAACTGTTTGGCGTGCTGCGCCTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AAATGCCATAGCCTGTTTCTGGATCTGCAGGTGAACAGCCTGCAGACCGTGTGCACCAAC 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATTTATAAAATTCTGCTGCTGCAGGCGTATCGCTTTCATGCGTGCGTGCTGCAGCTGCCG 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTTCATCAGCAGGTGTGGAAAAACCCGACCTTTTTTCTGCGCGTGATTAGCGATACCGCG 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 AGCCTGTGCTATAGCATTCTGAAAGCGAAAAACGCGGGCATGAGCCTGGGCGCGAAAGGC 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCGGCGGGCCCGCTGCCGAGCGAAGCGGTGCAGTGGCTGTGCCATCAGGCGTTTCTGCTG 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAACTGACCCGCCATCGCGTGACCTATGTGCCGCTGCTGGGCAGCCTGCGCACCGCGCAG 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACCCAGCTGAGCCGCAAACTGCCGGGCACCACCCTGACCGCGCTGGAAGCGGCGGCGAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCGGCGCTGCCGAGCGATTTTAAAACCATTCTGGAT 3396

RESULT 2
AR393359
LOCUS       AR393359                3396 bp    DNA     linear   PAT 18-DEC-2003
DEFINITION  Sequence 639 from patent US 6617110.
ACCESSION   AR393359
VERSION     AR393359.1  GI:40118786
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3396)
  AUTHORS   Cech,T.R., Lingner,J., Nakamura,T., Chapman,K.B., Morin,G.B.,
            Harley,C.B. and Andrews,W.H.
  TITLE     Cells immortalized with telomerase reverse transcriptase for use in
            drug screening
  JOURNAL   Patent: US 6617110-A 639 09-SEP-2003;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..3396
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              6.73e-151      Length:         3396
Score:                  5961.00        Matches:        1132
Percent Similarity:     100.00%        Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%        Mismatches:     0
Query Match:            100.00%        Indels:         0
DB:                     6              Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AR393359 (1-3396)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCGCGTGCTCCGCGTTGCCGTGCTGTTCGTTCCCTGCTGCGTTCCCACTACCGTGAA 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTTCTGCCGCTGGCTACCTTCGTTCGTCGTCTGGGTCCGCAGGGTTGGCGTCTGGTTCAG 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CGTGGTGACCCGGCTGCTTTCCGTGCTCTGGTTGCTCAGTGCCTGGTTTGCGTTCCGTGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GACGCTCGTCCGCCGCCGGCTGCTCCGTCCTTCCGTCAGGTTTCCTGCCTGAAAGAACTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTTGCTCGTGTTCTGCAGCGTCTGTGCGAACGTGGTGCTAAAAACGTTCTGGCTTTCGGT 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTCGCTCTGCTGGACGGTGCTCGTGGTGGTCCGCCGGAAGCTTTCACCACCTCCGTTCGT 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 TCCTACCTGCCGAACACCGTTACCGACGCTCTGCGTGGTTCCGGTGCTTGGGGTCTGCTG 420
```

```
Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CTGCGTCGTGTTGGTGACGACGTTCTGGTTCACCTGCTGGCTCGTTGCGCTCTGTTCGTT 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CTGGTTGCTCCGTCCTGCGCTTACCAGGTTTGCGGTCCGCCGCTGTACCAGCTGGGTGCT 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCTACCCAGGCTCGTCCGCCGCCGCACGCTTCCGGTCCGCGTCGTCGTCTGGGTTGCGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CGTGCTTGGAACCACTCCGTTCGTGAAGCTGGTGTTCCGCTGGGTCTGCCGGCTCCGGGT 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCTCGTCGTCGTGGTGGTTCCGCTTCCCGTTCCCTGCCGCTGCCGAAACGTCCGCGTCGT 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGTGCTGCTCCGGAACCGGAACGTACCCCGGTTGGTCAGGGTTCCTGGGCTCACCCGGGT 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 CGTACCCGTGGTCCGTCCGACCGTGGTTTCTGCGTTGTTTCCCCGGCTCGTCCGGCTGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCTACCTCCCTGGAAGGTGCTCTGTCCGGTACCCGTCACTCCCACCCGTCCGTTGGT 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CGTCAGCACCACGCTGGTCCGCCGTCCACCTCCCGTCCGCCGCGTCCGTGGGACACCCCG 960

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGCCCGCCGGTTTACGCTGAAACCAAACACTTCCTGTACTCCTCCGGTGACAAAGAACAG 1020

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CTGCGTCCGTCCTTCCTGCTGTCCTCCCTGCGTCCGTCCCTGACCGGTGCTCGTCGTCTG 1080

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTTGAAACCATCTTCCTGGGTTCCCGTCCGTGGATGCCGGGTACCCCGCGTCGTCTGCCG 1140

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 CGTCTGCCGCAGCGTTACTGGCAGATGCGTCCGCTGTTCCTGGAACTGCTGGGTAACCAC 1200

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCTCAGTGCCCGTACGGTGTTCTGCTGAAAACCCACTGCCCGCTGCGTGCTGCTGTTACC 1260

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 CCGGCTGCTGGTGTTTGCGCTCGTGAAAAACCGCAGGGTTCCGTTGCTGCTCCGGAAGAA 1320

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GAAGACACCGACCCGCGTCGTCTGGTTCAGCTGCTGCGTCAGCACTCCTCCCCGTGGCAG 1380

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GTTTACGGTTTCGTTCGTGCTTGCCTGCGTCGTCTGGTTCCGCCGGGTCTGTGGGGTTCC 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGTCACAACGAACGTCGTTTCCTGCGTAACACCAAAAAATTCATCTCCCTGGGTAAACAC 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GCTAAACTGTCCCTGCAGGAACTGACCTGGAAAATGTCCGTTCGTGACTGCGCTTGGCTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CGTCGTTCCCCGGGTGTTGGTTGCGTTCCGGCTGCTGAACACCGTCTGCGTGAAGAAATC 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 CTGGCTAAATTCCTGCACTGGCTGATGTCCGTTTACGTTGTTGAACTGCTGCGTTCCTTC 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TTCTACGTTACCGAAACCACCTTCCAGAAAAACCGTCTGTTCTTCTACCGTAAATCCGTT 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGGTCCAAACTGCAGTCCATCGGTATCCGTCAGCACCTGAAACGTGTTCAGCTGCGTGAA 1800

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CTGTCCGAAGCTGAAGTTCGTCAGCACCGTGAAGCTCGTCCGGCTCTGCTGACCTCCCGT 1860

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 CTGCGTTTCATCCCGAAACCGGACGGTCTGCGTCCGATCGTTAACATGGACTACGTTGTT 1920

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 GGTGCTCGTACCTTCCGTCGTGAAAAACGTGCTGAACGTCTGACCTCCCGTGTTAAAGCT 1980

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CTGTTCTCCGTTCTGAACTACGAACGTGCTCGTCGTCCGGGTCTGCTGGGTGCTTCCGTT 2040

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CTGGGTCTGGACGACATCCACCGTGCTTGGCGTACCTTCGTTCTGCGTGTTCGTGCTCAG 2100

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 GACCCGCCGCCGGAACTGTACTTCGTTAAAGTTGACGTTACCGGTGCTTACGACACCATC 2160

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 CCGCAGGACCGTCTGACCGAAGTTATCGCTTCCATCATCAAACCGCAGAACACCTACTGC 2220

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GTTCGTCGTTACGCTGTTGTTCAGAAAGCTGCTCACGGTCACGTTCGTAAAGCTTTCAAA 2280

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCCCACGTTTCCACCCTGACCGACCTGCAGCCGTACATGCGTCAGTTCGTTGCTCACCTG 2340

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CAGGAAACCTCCCCGCTGCGTGACGCTGTTGTTATCGAACAGTCCTCCTCCCTGAACGAA 2400

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GCTTCCTCCGGTCTGTTCGACGTTTTCCTGCGTTTCATGTGCCACCACGCTGTTCGTATC 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CGTGGTAAATCCTACGTTCAGTGCCAGGGTATCCCGCAGGGTTCCATCCTGTCCACCCTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CTGTGCTCCCTGTGCTACGGTGACATGGAAAACAAACTGTTCGCTGGTATCCGTCGTGAC 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       2581 GGTCTGCTGCTGCGTCTGGTTGACGACTTCCTGCTGGTTACCCCGCACCTGACCCACGCT 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AAAACCTTCCTGCGTACCCTGGTTCGTGGTGTTCCGGAATACGGTTGCGTTGTTAACCTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CGTAAAACCGTTGTTAACTTCCCGGTTGAAGACGAAGCTCTGGGTGGTACCGCTTTCGTT 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CAGATGCCGGCTCACGGTCTGTTCCCGTGGTGCGGTCTGCTGCTGGACACCCGTACCCTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAAGTTCAGTCCGACTACTCCTCCTACGCTCGTACCTCCATCCGTGCTTCCCTGACCTTC 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 AACCGTGGTTTCAAAGCTGGTCGTAACATGCGTCGTAAACTGTTCGGTGTTCTGCGTCTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AAATGCCACTCCCTGTTCCTGGACCTGCAGGTTAACTCCCTGCAGACCGTTTGCACCAAC 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATCTACAAAATCCTGCTGCTGCAGGCTTACCGTTTCCACGCTTGCGTTCTGCAGCTGCCG 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTCCACCAGCAGGTTTGGAAAAACCCGACCTTCTTCCTGCGTGTTATCTCCGACACCGCT 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCCCTGTGCTACTCCATCCTGAAAGCTAAAAACGCTGGTATGTCCCTGGGTGCTAAAGGT 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCTGCTGGTCCGCTGCCGTCCGAAGCTGTTCAGTGGCTGTGCCACCAGGCTTTCCTGCTG 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAACTGACCCGTCACCGTGTTACCTACGTTCCGCTGCTGGGTTCCCTGCGTACCGCTCAG 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACCCAGCTGTCCCGTAAACTGCCGGGTACCACCCTGACCGCTCTGGAAGCTGCTGCTAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCGGCTCTGCCGTCCGACTTCAAAACCATCCTGGAC 3396

RESULT 3
AR393360
LOCUS       AR393360                3396 bp    DNA     linear   PAT 18-DEC-2003
DEFINITION  Sequence 640 from patent US 6617110.
ACCESSION   AR393360
VERSION     AR393360.1  GI:40118788
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3396)
  AUTHORS   Cech,T.R., Lingner,J., Nakamura,T., Chapman,K.B., Morin,G.B.,
            Harley,C.B. and Andrews,W.H.
  TITLE     Cells immortalized with telomerase reverse transcriptase for use in
            drug screening
  JOURNAL   Patent: US 6617110-A 640 09-SEP-2003;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..3396
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              6.73e-151     Length:        3396
Score:                  5961.00       Matches:       1132
Percent Similarity:     100.00%       Conservative:  0
Best Local Similarity:  100.00%       Mismatches:    0
Query Match:            100.00%       Indels:        0
DB:                     6             Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AR393360 (1-3396)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCAAGAGCTCCAAGATGTAGAGCTGTTAGATCTTTGTTGAGATCTCATTATAGAGAA 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTTTTGCCATTGGCTACTTTTGTTAGAAGATTGGGTCCACAAGGTTGGAGATTGGTTCAA 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 AGAGGTGATCCAGCTGCTTTTAGAGCTTTGGTTGCTCAATGTTTGGTTTGTGTTCCATGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GATGCTAGACCACCACCAGCTGCTCCATCTTTTAGACAAGTTTCTTGTTTGAAAGAATTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTTGCTAGAGTTTTGCAAAGATTGTGTGAAAGAGGTGCTAAAAATGTTTTGGCTTTTGGT 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTTGCTTTGTTGGATGGTGCTAGAGGTGGTCCACCAGAAGCTTTTACTACTTCTGTTAGA 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 TCTTATTTGCCAAATACTGTTACTGATGCTTTGAGAGGTTCTGGTGCTTGGGGTTTGTTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 TTGAGAAGAGTTGGTGATGATGTTTTGGTTCATTTGTTGGCTAGATGTGCTTTGTTTGTT 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 TTGGTTGCTCCATCTTGTGCTTATCAAGTTTGTGGTCCACCATTGTATCAATTGGGTGCT 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCTACTCAAGCTAGACCACCACCACATGCTTCTGGTCCAAGAAGAAGATTGGGTTGTGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 AGAGCTTGGAATCATTCTGTTAGAGAAGCTGGTGTTCCATTGGGTTTGCCAGCTCCAGGT 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCTAGAAGAAGAGGTGGTTCTGCTTCTAGATCTTTGCCATTGCCAAAAAGACCAAGAAGA 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGTGCTGCTCCAGAACCAGAAAGAACTCCAGTTGGTCAAGGTTCTTGGGCTCATCCAGGT 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AGAACTAGAGGTCCATCTGATAGAGGTTTTTGTGTTGTTTCTCCAGCTAGACCAGCTGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCTACTTCTTTGGAAGGTGCTTTGTCTGGTACTAGACATTCTCATCCATCTGTTGGT 900
```

```
Qy      301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      901 AGACAACATCATGCTGGTCCACCATCTACTTCTAGACCACCAAGACCATGGGATACTCCA 960

Qy      321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      961 TGTCCACCAGTTTATGCTGAAACTAAACATTTTTTGTATTCTTCTGGTGATAAAGAACAA 1020

Qy      341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1021 TTGAGACCATCTTTTTTGTTGTCTTCTTTGAGACCATCTTTGACTGGTGCTAGAAGATTG 1080

Qy      361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1081 GTTGAAACTATTTTTTTGGGTTCTAGACCATGGATGCCAGGTACTCCAAGAAGATTGCCA 1140

Qy      381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1141 AGATTGCCACAAAGATATTGGCAAATGAGACCATTGTTTTTGGAATTGTTGGGTAATCAT 1200

Qy      401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1201 GCTCAATGTCCATATGGTGTTTTGTTGAAAACTCATTGTCCATTGAGAGCTGCTGTTACT 1260

Qy      421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1261 CCAGCTGCTGGTGTTTGTGCTAGAGAAAAACCACAAGGTTCTGTTGCTGCTCCAGAAGAA 1320

Qy      441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1321 GAAGATACTGATCCAAGAAGATTGGTTCAATTGTTGAGACAACATTCTTCTCCATGGCAA 1380

Qy      461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1381 GTTTATGGTTTTGTTAGAGCTTGTTTGAGAAGATTGGTTCCACCAGGTTTGTGGGGTTCT 1440

Qy      481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1441 AGACATAATGAAAGAAGATTTTTGAGAAATACTAAAAAATTTATTTCTTTGGGTAAACAT 1500

Qy      501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1501 GCTAAATTGTCTTTGCAAGAATTGACTTGGAAAATGTCTGTTAGAGATTGTGCTTGGTTG 1560

Qy      521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1561 AGAAGATCTCCAGGTGTTGGTTGTGTTCCAGCTGCTGAACATAGATTGAGAGAAGAAATT 1620

Qy      541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1621 TTGGCTAAATTTTTGCATTGGTTGATGTCTGTTTATGTTGTTGAATTGTTGAGATCTTTT 1680

Qy      561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1681 TTTTATGTTACTGAAACTACTTTTCAAAAAAATAGATTGTTTTTTTATAGAAAATCTGTT 1740

Qy      581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1741 TGGTCTAAATTGCAATCTATTGGTATTAGACAACATTTGAAAAGAGTTCAATTGAGAGAA 1800

Qy      601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1801 TTGTCTGAAGCTGAAGTTAGACAACATAGAGAAGCTAGACCAGCTTTGTTGACTTCTAGA 1860

Qy      621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1861 TTGAGATTTATTCCAAAACCAGATGGTTTGAGACCAATTGTTAATATGGATTATGTTGTT 1920

Qy      641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1921 GGTGCTAGAACTTTTAGAAGAGAAAAAAGAGCTGAAAGATTGACTTCTAGAGTTAAAGCT 1980

Qy      661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1981 TTGTTTTCTGTTTTGAATTATGAAAGAGCTAGAAGACCAGGTTTGTTGGGTGCTTCTGTT 2040

Qy      681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2041 TTGGGTTTGGATGATATTCATAGAGCTTGGAGAACTTTTGTTTTGAGAGTTAGAGCTCAA 2100

Qy      701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2101 GATCCACCACCAGAATTGTATTTTGTTAAAGTTGATGTTACTGGTGCTTATGATACTATT 2160

Qy      721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2161 CCACAAGATAGATTGACTGAAGTTATTGCTTCTATTATTAAACCACAAAATACTTATTGT 2220

Qy      741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2221 GTTAGAAGATATGCTGTTGTTCAAAAAGCTGCTCATGGTCATGTTAGAAAAGCTTTTAAA 2280

Qy      761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2281 TCTCATGTTTCTACTTTGACTGATTTGCAACCATATATGAGACAATTTGTTGCTCATTTG 2340

Qy      781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2341 CAAGAAACTTCTCCATTGAGAGATGCTGTTGTTATTGAACAATCTTCTTCTTTGAATGAA 2400

Qy      801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2401 GCTTCTTCTGGTTTGTTTGATGTTTTTTTGAGATTTATGTGTCATCATGCTGTTAGAATT 2460

Qy      821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2461 AGAGGTAAATCTTATGTTCAATGTCAAGGTATTCCACAAGGTTCTATTTTGTCTACTTTG 2520

Qy      841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2521 TTGTGTTCTTTGTGTTATGGTGATATGGAAAATAAATTGTTTGCTGGTATTAGAAGAGAT 2580

Qy      861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2581 GGTTTGTTGTTGAGATTGGTTGATGATTTTTTGTTGGTTACTCCACATTTGACTCATGCT 2640

Qy      881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2641 AAAACTTTTTTGAGAACTTTGGTTAGAGGTGTTCCAGAATATGGTTGTGTTGTTAATTTG 2700

Qy      901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2701 AGAAAAACTGTTGTTAATTTTCCAGTTGAAGATGAAGCTTTGGGTGGTACTGCTTTTGTT 2760

Qy      921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2761 CAAATGCCAGCTCATGGTTTGTTTCCATGGTGTGGTTTGTTGTTGGATACTAGAACTTTG 2820

Qy      941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2821 GAAGTTCAATCTGATTATTCTTCTTATGCTAGAACTTCTATTAGAGCTTCTTTGACTTTT 2880

Qy      961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2881 AATAGAGGTTTTAAAGCTGGTAGAAATATGAGAAGAAAATTGTTTGGTGTTTTGAGATTG 2940

Qy      981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2941 AAATGTCATTCTTTGTTTTTGGATTTGCAAGTTAATTCTTTGCAAACTGTTTGTACTAAT 3000

Qy     1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3001 ATTTATAAAATTTTGTTGTTGCAAGCTTATAGATTTCATGCTTGTGTTTTGCAATTGCCA 3060

Qy     1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db      3061 TTTCATCAACAAGTTTGGAAAAATCCAACTTTTTTTTGAGAGTTATTTCTGATACTGCT 3120

Qy      1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3121 TCTTTGTGTTATTCTATTTTGAAAGCTAAAAATGCTGGTATGTCTTTGGGTGCTAAAGGT 3180

Qy      1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3181 GCTGCTGGTCCATTGCCATCTGAAGCTGTTCAATGGTTGTGTCATCAAGCTTTTTTGTTG 3240

Qy      1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3241 AAATTGACTAGACATAGAGTTACTTATGTTCCATTGTTGGGTTCTTTGAGAACTGCTCAA 3300

Qy      1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3301 ACTCAATTGTCTAGAAAATTGCCAGGTACTACTTTGACTGCTTTGGAAGCTGCTGCTAAT 3360

Qy      1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3361 CCAGCTTTGCCATCTGATTTTAAAACTATTTTGGAT 3396
```

RESULT 4

```
AR393361
LOCUS       AR393361                3396 bp    DNA     linear   PAT 18-DEC-2003
DEFINITION  Sequence 641 from patent US 6617110.
ACCESSION   AR393361
VERSION     AR393361.1  GI:40118790
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3396)
  AUTHORS   Cech,T.R., Lingner,J., Nakamura,T., Chapman,K.B., Morin,G.B.,
            Harley,C.B. and Andrews,W.H.
  TITLE     Cells immortalized with telomerase reverse transcriptase for use in
            drug screening
  JOURNAL   Patent: US 6617110-A 641 09-SEP-2003;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..3396
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              6.73e-151     Length:         3396
Score:                  5961.00       Matches:        1132
Percent Similarity:     100.00%       Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%       Mismatches:     0
Query Match:            100.00%       Indels:         0
DB:                     6             Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AR393361 (1-3396)

Qy         1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1 ATGCCAAGAGCTCCAAGATGTAGAGCTGTTAGATCTTTGTTGAGATCTCACTACAGAGAA 60

Qy        21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        61 GTTTTGCCATTGGCTACTTTCGTTAGAAGATTGGGTCCACAAGGTTGGAGATTGGTTCAA 120

Qy        41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       121 AGAGGTGACCCAGCTGCTTTCAGAGCTTTGGTTGCTCAATGTTTGGTTTGTGTTCCATGG 180

Qy        61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       181 GACGCTAGACCACCACCAGCTGCTCCATCTTTCAGACAAGTTTCTTGTTTGAAGGAATTG 240

Qy        81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       241 GTTGCTAGAGTTTTGCAAAGATTGTGTGAAAGAGGTGCTAAGAACGTTTTGGCTTTCGGT 300

Qy       101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       301 TTCGCTTTGTTGGACGGTGCTAGAGGTGGTCCACCAGAAGCTTTCACTACTTCTGTTAGA 360

Qy       121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       361 TCTTACTTGCCAAACACTGTTACTGACGCTTTGAGAGGTTCTGGTGCTTGGGGTTTGTTG 420

Qy       141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       421 TTGAGAAGAGTTGGTGACGACGTTTTGGTTCACTTGTTGGCTAGATGTGCTTTGTTCGTT 480

Qy       161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       481 TTGGTTGCTCCATCTTGTGCTTACCAAGTTTGTGGTCCACCATTGTACCAATTGGGTGCT 540

Qy       181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       541 GCTACTCAAGCTAGACCACCACCACACGCTTCTGGTCCAAGAAGAAGATTGGGTTGTGAA 600

Qy       201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       601 AGAGCTTGGAACCACTCTGTTAGAGAAGCTGGTGTTCCATTGGGTTTGCCAGCTCCAGGT 660

Qy       221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       661 GCTAGAAGAAGAGGTGGTTCTGCTTCTAGATCTTTGCCATTGCCAAAGAGACCAAGAAGA 720

Qy       241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       721 GGTGCTGCTCCAGAACCAGAAAGAACTCCAGTTGGTCAAGGTTCTTGGGCTCACCCAGGT 780

Qy       261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       781 AGAACTAGAGGTCCATCTGACAGAGGTTTCTGTGTTGTTTCTCCAGCTAGACCAGCTGAA 840

Qy       281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       841 GAAGCTACTTCTTTGGAAGGTGCTTTGTCTGGTACTAGACACTCTCACCCATCTGTTGGT 900

Qy       301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       901 AGACAACACCACGCTGGTCCACCATCTACTTCTAGACCACCAAGACCATGGGACACTCCA 960

Qy       321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       961 TGTCCACCAGTTTACGCTGAAACTAAGCACTTCTTGTACTCTTCTGGTGACAAGGAACAA 1020

Qy       341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1021 TTGAGACCATCTTTCTTGTTGTCTTCTTTGAGACCATCTTTGACTGGTGCTAGAAGATTG 1080

Qy       361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1081 GTTGAAACTATTTTCTTGGGTTCTAGACCATGGATGCCAGGTACTCCAAGAAGATTGCCA 1140

Qy       381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1141 AGATTGCCACAAAGATACTGGCAAATGAGACCATTGTTCTTGGAATTGTTGGGTAACCAC 1200

Qy       401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1201 GCTCAATGTCCATACGGTGTTTTGTTGAAGACTCACTGTCCATTGAGAGCTGCTGTTACT 1260

Qy       421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1261 CCAGCTGCTGGTGTTTGTGCTAGAGAAAAGCCACAAGGTTCTGTTGCTGCTCCAGAAGAA 1320

Qy       441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1321 GAAGACACTGACCCAAGAAGATTGGTTCAATTGTTGAGACAACACTCTTCTCCATGGCAA 1380
```

```
Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GTTTACGGTTTCGTTAGAGCTTGTTTGAGAAGATTGGTTCCACCAGGTTTGTGGGGTTCT 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 AGACACAACGAAAGAAGATTCTTGAGAAACACTAAGAAGTTCATTTCTTTGGGTAAGCAC 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GCTAAGTTGTCTTTGCAAGAATTGACTTGGAAGATGTCTGTTAGAGACTGTGCTTGGTTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 AGAAGATCTCCAGGTGTTGGTTGTGTTCCAGCTGCTGAACACAGATTGAGAGAAGAAATT 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 TTGGCTAAGTTCTTGCACTGGTTGATGTCTGTTTACGTTGTTGAATTGTTGAGATCTTTC 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TTCTACGTTACTGAAACTACTTTCCAAAAGAACAGATTGTTCTTCTACAGAAAGTCTGTT 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGGTCTAAGTTGCAATCTATTGGTATTAGACAACACTTGAAGAGAGTTCAATTGAGAGAA 1800

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 TTGTCTGAAGCTGAAGTTAGACAACACAGAGAAGCTAGACCAGCTTTGTTGACTTCTAGA 1860

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 TTGAGATTCATTCCAAAGCCAGACGGTTTGAGACCAATTGTTAACATGGACTACGTTGTT 1920

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 GGTGCTAGAACTTTCAGAAGAGAAAAGAGAGCTGAAAGATTGACTTCTAGAGTTAAGGCT 1980

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 TTGTTCTCTGTTTTGAACTACGAAAGAGCTAGAAGACCAGGTTTGTTGGGTGCTTCTGTT 2040

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 TTGGGTTTGGACGACATTCACAGAGCTTGGAGAACTTTCGTTTTGAGAGTTAGAGCTCAA 2100

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 GACCCACCACCAGAATTGTACTTCGTTAAGGTTGACGTTACTGGTGCTTACGACACTATT 2160

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 CCACAAGACAGATTGACTGAAGTTATTGCTTCTATTATTAAGCCACAAAACACTTACTGT 2220

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GTTAGAAGATACGCTGTTGTTCAAAAGGCTGCTCACGGTCACGTTAGAAAGGCTTTCAAG 2280

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCTCACGTTTCTACTTTGACTGACTTGCAACCATACATGAGACAATTCGTTGCTCACTTG 2340

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CAAGAAACTTCTCCATTGAGAGACGCTGTTGTTATTGAACAATCTTCTTCTTTGAACGAA 2400

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GCTTCTTCTGGTTTGTTCGACGTTTTCTTGAGATTCATGTGTCACCACGCTGTTAGAATT 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 AGAGGTAAGTCTTACGTTCAATGTCAAGGTATTCCACAAGGTTCTATTTTGTCTACTTTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 TTGTGTTCTTTGTGTTACGGTGACATGGAAAACAAGTTGTTCGCTGGTATTAGAAGAGAC 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 GGTTTGTTGTTGAGATTGGTTGACGACTTCTTGTTGGTTACTCCACACTTGACTCACGCT 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AAGACTTTCTTGAGAACTTTGGTTAGAGGTGTTCCAGAATACGGTTGTGTTGTTAACTTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 AGAAAGACTGTTGTTAACTTCCCAGTTGAAGACGAAGCTTTGGGTGGTACTGCTTTCGTT 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CAAATGCCAGCTCACGGTTTGTTCCCATGGTGTGGTTTGTTGTTGGACACTAGAACTTTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAAGTTCAATCTGACTACTCTTCTTACGCTAGAACTTCTATTAGAGCTTCTTTGACTTTC 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 AACAGAGGTTTCAAGGCTGGTAGAAACATGAGAAGAAAGTTGTTCGGTGTTTTGAGATTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AAGTGTCACTCTTTGTTCTTGGACTTGCAAGTTAACTCTTTGCAAACTGTTTGTACTAAC 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATTTACAAGATTTTGTTGTTGCAAGCTTACAGATTCCACGCTTGTGTTTTGCAATTGCCA 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTCCACCAACAAGTTTGGAAGAACCCAACTTTCTTCTTGAGAGTTATTTCTGACACTGCT 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCTTTGTGTTACTCTATTTTGAAGGCTAAGAACGCTGGTATGTCTTTGGGTGCTAAGGGT 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCTGCTGGTCCATTGCCATCTGAAGCTGTTCAATGGTTGTGTCACCAAGCTTTCTTGTTG 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAGTTGACTAGACACAGAGTTACTTACGTTCCATTGTTGGGTTCTTTGAGAACTGCTCAA 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACTCAATTGTCTAGAAAGTTGCCAGGTACTACTTTGACTGCTTTGGAAGCTGCTGCTAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCAGCTTTGCCATCTGACTTCAAGACTATTTTGGAC 3396
```

```
RESULT 5
AR393362
LOCUS       AR393362                 3396 bp    DNA     linear   PAT 18-DEC-2003
DEFINITION  Sequence 642 from patent US 6617110.
ACCESSION   AR393362
VERSION     AR393362.1  GI:40118792
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
```

```
REFERENCE   1  (bases 1 to 3396)
  AUTHORS   Cech,T.R., Lingner,J., Nakamura,T., Chapman,K.B., Morin,G.B.,
            Harley,C.B. and Andrews,W.H.
  TITLE     Cells immortalized with telomerase reverse transcriptase for use in
            drug screening
  JOURNAL   Patent: US 6617110-A 642 09-SEP-2003;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..3396
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              6.73e-151     Length:         3396
Score:                  5961.00       Matches:        1132
Percent Similarity:     100.00%       Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%       Mismatches:     0
Query Match:            100.00%       Indels:         0
DB:                     6             Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AR393362 (1-3396)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCACGTGCCCCACGTTGTCGTGCCGTTCGTTCTTTGTTGCGTTCTCACTACCGTGAA 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTTTTGCCATTGGCCACCTTCGTTCGTCGTTTGGGTCCACAAGGTTGGCGTTTGGTTCAA 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CGTGGTGATCCAGCCGCCTTCCGTGCCTTGGTTGCCCAATGTTTGGTTTGTGTTCCATGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GATGCCCGTCCACCACCAGCCGCCCCATCTTTCCGTCAAGTTTCTTGTTTGAAAGAATTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTTGCCCGTGTTTTGCAACGTTTGTGTGAACGTGGTGCCAAAAACGTTTTGGCCTTCGGT 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTCGCCTTGTTGGATGGTGCCCGTGGTGGTCCACCAGAAGCCTTCACCACCTCTGTTCGT 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 TCTTACTTGCCAAACACCGTTACCGATGCCTTGCGTGGTTCTGGTGCCTGGGGTTTGTTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 TTGCGTCGTGTTGGTGATGATGTTTTGGTTCACTTGTTGGCCCGTTGTGCCTTGTTCGTT 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 TTGGTTGCCCCATCTTGTGCCTACCAAGTTTGTGGTCCACCATTGTACCAATTGGGTGCC 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCCACCCAAGCCCGTCCACCACCACACGCCTCTGGTCCACGTCGTCGTTTGGGTTGTGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CGTGCCTGGAACCACTCTGTTCGTGAAGCCGGTGTTCCATTGGGTTTGCCAGCCCCAGGT 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCCCGTCGTCGTGGTGGTTCTGCCTCTCGTTCTTTGCCATTGCCAAAACGTCCACGTCGT 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGTGCCGCCCCAGAACCAGAACGTACCCCAGTTGGTCAAGGTTCTTGGGCCCACCCAGGT 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 CGTACCCGTGGTCCATCTGATCGTGGTTTCTGTGTTGTTTCTCCAGCCCGTCCAGCCGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCCACCTCTTTGGAAGGTGCCTTGTCTGGTACCCGTCACTCTCACCCATCTGTTGGT 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CGTCAACACCACGCCGGTCCACCATCTACCTCTCGTCCACCACGTCCATGGGATACCCCA 960

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGTCCACCAGTTTACGCCGAAACCAAACACTTCTTGTACTCTTCTGGTGATAAAGAACAA 1020

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 TTGCGTCCATCTTTCTTGTTGTCTTCTTTGCGTCCATCTTTGACCGGTGCCCGTCGTTTG 1080

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTTGAAACCATTTTCTTGGGTTCTCGTCCATGGATGCCAGGTACCCCACGTCGTTTGCCA 1140

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 CGTTTGCCACAACGTTACTGGCAAATGCGTCCATTGTTCTTGGAATTGTTGGGTAACCAC 1200

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCAATGTCCATACGGTGTTTTGTTGAAAACCCACTGTCCATTGCGTGCCGCCGTTACC 1260

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 CCAGCCGCCGGTGTTTGTGCCCGTGAAAAACCACAAGGTTCTGTTGCCGCCCCAGAAGAA 1320

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GAAGATACCGATCCACGTCGTTTGGTTCAATTGTTGCGTCAACACTCTTCTCCATGGCAA 1380

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GTTTACGGTTTCGTTCGTGCCTGTTTGCGTCGTTTGGTTCCACCAGGTTTGTGGGGTTCT 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGTCACAACGAACGTCGTTTCTTGCGTAACACCAAAAAATTCATTTCTTTGGGTAAACAC 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GCCAAATTGTCTTTGCAAGAATTGACCTGGAAAATGTCTGTTCGTGATTGTGCCTGGTTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CGTCGTTCTCCAGGTGTTGGTTGTGTTCCAGCCGCCGAACACCGTTTGCGTGAAGAAATT 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 TTGGCCAAATTCTTGCACTGGTTGATGTCTGTTTACGTTGTTGAATTGTTGCGTTCTTTC 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TTCTACGTTACCGAAACCACCTTCCAAAAAAACCGTTTGTTCTTCTACCGTAAATCTGTT 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGGTCTAAATTGCAATCTATTGGTATTCGTCAACACTTGAAACGTGTTCAATTGCGTGAA 1800

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 TTGTCTGAAGCCGAAGTTCGTCAACACCGTGAAGCCCGTCCAGCCTTGTTGACCTCTCGT 1860
```

```
Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 TTGCGTTTCATTCCAAAACCAGATGGTTTGCGTCCAATTGTTAACATGGATTACGTTGTT 1920

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 GGTGCCCGTACCTTCCGTCGTGAAAAACGTGCCGAACGTTTGACCTCTCGTGTTAAAGCC 1980

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 TTGTTCTCTGTTTTGAACTACGAACGTGCCCGTCGTCCAGGTTTGTTGGGTGCCTCTGTT 2040

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 TTGGGTTTGGATGATATTCACCGTGCCTGGCGTACCTTCGTTTTGCGTGTTCGTGCCCAA 2100

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 GATCCACCACCAGAATTGTACTTCGTTAAAGTTGATGTTACCGGTGCCTACGATACCATT 2160

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 CCACAAGATCGTTTGACCGAAGTTATTGCCTCTATTATTAAACCACAAAACACCTACTGT 2220

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GTTCGTCGTTACGCCGTTGTTCAAAAAGCCGCCCACGGTCACGTTCGTAAAGCCTTCAAA 2280

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCTCACGTTTCTACCTTGACCGATTTGCAACCATACATGCGTCAATTCGTTGCCCACTTG 2340

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CAAGAAACCTCTCCATTGCGTGATGCCGTTGTTATTGAACAATCTTCTTCTTTGAACGAA 2400

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GCCTCTTCTGGTTTGTTCGATGTTTTCTTGCGTTTCATGTGTCACCACGCCGTTCGTATT 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CGTGGTAAATCTTACGTTCAATGTCAAGGTATTCCACAAGGTTCTATTTTGTCTACCTTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 TTGTGTTCTTTGTGTTACGGTGATATGGAAAACAAATTGTTCGCCGGTATTCGTCGTGAT 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 GGTTTGTTGTTGCGTTTGGTTGATGATTTCTTGTTGGTTACCCCACACTTGACCCACGCC 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AAAACCTTCTTGCGTACCTTGGTTCGTGGTGTTCCAGAATACGGTTGTGTTGTTAACTTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CGTAAAACCGTTGTTAACTTCCCAGTTGAAGATGAAGCCTTGGGTGGTACCGCCTTCGTT 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CAAATGCCAGCCCACGGTTTGTTCCCATGGTGTGGTTTGTTGTTGGATACCCGTACCTTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAAGTTCAATCTGATTACTCTTCTTACGCCCGTACCTCTATTCGTGCCTCTTTGACCTTC 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 AACCGTGGTTTCAAAGCCGGTCGTAACATGCGTCGTAAATTGTTCGGTGTTTTGCGTTTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AAATGTCACTCTTTGTTCTTGGATTTGCAAGTTAACTCTTTGCAAACCGTTTGTACCAAC 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATTTACAAAATTTTGTTGTTGCAAGCCTACCGTTTCCACGCCTGTGTTTTGCAATTGCCA 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTCCACCAACAAGTTTGGAAAAACCCAACCTTCTTCTTGCGTGTTATTTCTGATACCGCC 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCTTTGTGTTACTCTATTTTGAAAGCCAAAAACGCCGGTATGTCTTTGGGTGCCAAAGGT 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCCGCCGGTCCATTGCCATCTGAAGCCGTTCAATGGTTGTGTCACCAAGCCTTCTTGTTG 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAATTGACCCGTCACCGTGTTACCTACGTTCCATTGTTGGGTTCTTTGCGTACCGCCCAA 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACCCAATTGTCTCGTAAATTGCCAGGTACCACCTTGACCGCCTTGGAAGCCGCCGCCAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCAGCCTTGCCATCTGATTTCAAAACCATTTTGGAT 3396

RESULT 6
AX957656
LOCUS       AX957656                3396 bp    DNA     linear   PAT 08-JAN-2004
DEFINITION  Sequence 3 from Patent WO03095605.
ACCESSION   AX957656
VERSION     AX957656.1  GI:40785528
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Moll,J., Schnuchel,A. and Stouten,P.
  TITLE     A chimeric reverse transcriptase and methods for identifying
            telomerase inhibitors
  JOURNAL   Patent: WO 03095605-A 3 20-NOV-2003;
            Pharmacia Italia S.p.A. (IT)
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .3396
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="unassigned DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              6.73e-151       Length:         3396
Score:                  5961.00         Matches:        1132
Percent Similarity:     100.00%         Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%         Mismatches:     0
Query Match:            100.00%         Indels:         0
DB:                     6               Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AX957656 (1-3396)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 120
```

```
Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 960

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1020

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1080

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1140

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1200

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1260

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1320

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1380

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1800

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1860

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1920

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 1980

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2040

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2100

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2160

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2220

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2280

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       2281 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2340

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2400

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3396
```

```
RESULT 7
BD091553
LOCUS       BD091553                3396 bp    DNA     linear   PAT 27-AUG-2002
DEFINITION  Adult bone marrow-origin cell capable of differentiating into
            myocardial cell.
ACCESSION   BD091553
VERSION     BD091553.1  GI:22637164
KEYWORDS    WO 0148149-A/16.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3396)
  AUTHORS   Umezawa,A., Hata,J., Fukuda,K., Satoshi, Ogawa and Sakurada,K.
  TITLE     Adult bone marrow-origin cell capable of differentiating into
            myocardial cell
  JOURNAL   Patent: WO 0148149-A 16 05-JUL-2001;
            KYOWA HAKKO KOGYO CO LTD,AKIHIRO UMEZAWA,JUNICHI HATA, KEIICHI
            FUKUDA, SATOSHI OGAWA,KAZUHIRO SAKURADA
COMMENT     OS   Homo sapiens (human)
            PN   WO 0148149-A/16
            PD   05-JUL-2001
            PF   28-FEB-2000 WO 2000JP001148
            PR   28-DEC-1999 JP 99P   372826
            PI   AKIHIRO UMEZAWA,JUNICHI HATA,KEIICHI FUKUDA,SATOSHI PI
            OGAWA,KAZUHIRO SAKURADA
            PC   C12N5/06,C12N5/00,A61K35/28,A61P41/00,A61K48/00,C07K16/18 CC
            FH   Key             Location/Qualifiers
            FT   CDS             (1)..(3399).
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..3396
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              6.73e-151    Length:          3396
Score:                  5961.00      Matches:         1132
Percent Similarity:     100.00%      Conservative:    0
Best Local Similarity:  100.00%      Mismatches:      0
Query Match:            100.00%      Indels:          0
DB:                     6            Gaps:            0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BD091553 (1-3396)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    361 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 420

Qy    141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 480

Qy    161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 540

Qy    181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 600

Qy    201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 660

Qy    221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 720

Qy    241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 780

Qy    261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 840

Qy    281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 900

Qy    301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 960

Qy    321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1020

Qy    341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1080

Qy    361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1140

Qy    381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1200

Qy    401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1260

Qy    421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1320

Qy    441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1380

Qy    461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1440

Qy    481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1500

Qy    501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1560

Qy    521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1620

Qy    541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1680

Qy    561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1740

Qy    581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1800

Qy    601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1860

Qy    621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1920

Qy    641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 1980

Qy    661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2040

Qy    681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2100

Qy    701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2160

Qy    721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2220

Qy    741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2280

Qy    761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2340

Qy    781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2400

Qy    801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2460

Qy    821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2520

Qy    841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2580
```

```
Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3396
```

```
RESULT 8
BD094749
LOCUS       BD094749                3396 bp    DNA     linear   PAT 27-AUG-2002
DEFINITION  The cell having the potentiality of differentiation into
            cardiomyocytes.
ACCESSION   BD094749
VERSION     BD094749.1  GI:22640337
KEYWORDS    WO 0148150-A/16.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3396)
  AUTHORS   Umezawa,A., Hata,J., Fukuda,K., Ogawa,S., Sakurada,K., Gojo,S. and
            Yamada,Y.
  TITLE     The cell having the potentiality of differentiation into
  JOURNAL   Patent: WO 0148150-A 16 05-JUL-2001;
            KYOWA HAKKO KOGYO CO LTD,AKIHIRO UMEZAWA,JUNICHI HATA, KEIICHI
            FUKUDA, SATOSHI OGAWA,KAZUHIRO SAKURADA,SATOSHI GOJO,YOJI YAMADA
COMMENT     OS   Homo sapiens (human)
            PN   WO 0148150-A/16
            PD   05-JUL-2001
            PF   02-NOV-2000 WO 2000JP007741
            PR   28-DEC-1999 JP 99P   372826,28-FEB-2000 WO PCTJP0001448 PI
            AKIHIRO UMEZAWA,JUNICHI HATA,KEIICHI FUKUDA,SATOSHI OGAWA, PI
            KAZUHIRO SAKURADA,SATOSHI GOJO,YOJI YAMADA
            PC   C12N5/06,C12N5/10,C12N15/09,A61K31/203,A61K35/28,A61K38/19, PC
              A61K38/39,
            PC   A61K38/45,A61K48/00,A61P9/10,A61P41/00,C07K16/28,C12P21/08, PC
              C12Q1/02,
            PC   C12Q1/48,G01N33/577
            CC   The cell having the potentiality of differentiation into  CC
                 cardiomyocytes
            FH   Key             Location/Qualifiers
            FT   CDS             (1)..(3399).
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..3396
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              6.73e-151      Length:        3396
Score:                  5961.00        Matches:       1132
Percent Similarity:     100.00%        Conservative:  0
Best Local Similarity:  100.00%        Mismatches:    0
Query Match:            100.00%        Indels:        0
DB:                     6              Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BD094749 (1-3396)
```

```
Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        541 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 960

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1020

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1080

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1140

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1200

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1260

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1320

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1380

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1800

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1860

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1920

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 1980

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2040

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2100

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2160

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2220

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2280

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2340

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2400

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2760
```

```
Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3396

RESULT 9
BD096291
LOCUS       BD096291                3396 bp    DNA     linear   PAT 27-AUG-2002
DEFINITION  Cells capable of differentiating into myocardial cells.
ACCESSION   BD096291
VERSION     BD096291.1  GI:22641879
KEYWORDS    WO 0148151-A/16.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3396)
  AUTHORS   Umezawa,A., Hata,J., Fukuda,K., Ogawa,S., Sakurada,K., Gojo,S. and
            Yamada,Y.
  TITLE     Cells capable of differentiating into myocardial cells
  JOURNAL   Patent: WO 0148151-A 16 05-JUL-2001;
            KYOWA HAKKO KOGYO CO LTD
COMMENT     OS   Homo sapiens (human)
            PN   WO 0148151-A/16
            PD   05-JUL-2001
            PF   27-DEC-2000 WO 2000JP009323
            PR   28-DEC-1999 JP 99P   372826,28-FEB-2000 WO PCTJP0001148 PR
            02-NOV-2000 WO PCTJP0007741
            PI   AKIHIRO UMEZAWA,JUNICHI HATA,KEIICHI FUKUDA,SATOSHI OGAWA, PI
             KAZUHIRO SAKURADA,SATOSHI GOJO,YOJI YAMADA
            PC
            C12N5/06,C12N5/08,C12P21/08,C12Q1/02,A61K35/28,A61K35/44,A61P9/ PC
             06,
            PC   A61P9/04//A61K38/18,C12N15/12
            CC   Cells capable of differentiating into myocardial cells FH
            Key          Location/Qualifiers
            FT   CDS          (1)..(3399).
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..3396
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              6.73e-151       Length:         3396
Score:                  5961.00         Matches:        1132
Percent Similarity:     100.00%         Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%         Mismatches:     0
Query Match:            100.00%         Indels:         0
DB:                     6               Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BD096291 (1-3396)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
```

```
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          781 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 840

Qy          281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          841 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 900

Qy          301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          901 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 960

Qy          321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          961 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1020

Qy          341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1021 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1080

Qy          361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1081 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1140

Qy          381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1141 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1200

Qy          401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1201 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1260

Qy          421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1261 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1320

Qy          441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1321 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1380

Qy          461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1381 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1440

Qy          481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1441 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1500

Qy          501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1501 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1560

Qy          521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1561 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1620

Qy          541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1621 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1680

Qy          561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1681 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1740

Qy          581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1741 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1800

Qy          601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1801 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1860

Qy          621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1861 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1920

Qy          641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1921 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 1980

Qy          661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1981 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2040

Qy          681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2041 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2100

Qy          701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2101 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2160

Qy          721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2161 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2220

Qy          741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2221 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2280

Qy          761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2281 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2340

Qy          781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2341 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2400

Qy          801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2401 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2460

Qy          821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2461 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2520

Qy          841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2521 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2580

Qy          861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2581 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2640

Qy          881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2641 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2700

Qy          901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2701 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2760

Qy          921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2761 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2820

Qy          941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2821 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2880

Qy          961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2881 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2940

Qy          981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2941 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3000
```

```
Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3396

RESULT 10
AX481414
LOCUS       AX481414                3399 bp    DNA     linear   PAT 16-AUG-2002
DEFINITION  Sequence 28 from Patent WO02055693.
ACCESSION   AX481414
VERSION     AX481414.1  GI:22316328
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Kreutzer,R., Limmer,S., Rost,S. and Hadwiger,P.
  TITLE     Method for inhibiting the expression of a target gene
  JOURNAL   Patent: WO 02055693-A 28 18-JUL-2002;
            Ribopharma AG (DE)
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..3399
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="unassigned DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              6.74e-151      Length:          3399
Score:                  5961.00        Matches:         1132
Percent Similarity:     100.00%        Conservative:    0
Best Local Similarity:  100.00%        Mismatches:      0
Query Match:            100.00%        Indels:          0
DB:                     6              Gaps:            0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AX481414 (1-3399)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 960

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1020

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1080

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1140

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1200

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1260
```

```
Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1320

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1380

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1800

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1860

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1920

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 1980

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2040

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2100

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2160

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2220

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2280

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2340

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2400

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3396
```

RESULT 11
AR393441

```
LOCUS       AR393441                3451 bp    DNA     linear   PAT 18-DEC-2003
DEFINITION  Sequence 721 from patent US 6617110.
ACCESSION   AR393441
VERSION     AR393441.1  GI:40118968
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3451)
  AUTHORS   Cech,T.R., Lingner,J., Nakamura,T., Chapman,K.B., Morin,G.B.,
            Harley,C.B. and Andrews,W.H.
  TITLE     Cells immortalized with telomerase reverse transcriptase for use in
            drug screening
  JOURNAL   Patent: US 6617110-A 721 09-SEP-2003;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..3451
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              6.83e-151       Length:         3451
Score:                  5961.00         Matches:        1132
Percent Similarity:     100.00%         Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%         Mismatches:     0
Query Match:            100.00%         Indels:         0
DB:                     6               Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AR393441 (1-3451)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         28 ATGCCGCGTGCTCCGCGTTGCCGTGCTGTTCGTTCCCTGCTGCGTTCCCACTATCGCGAA 87

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         88 GTTCTGCCGCTGGCTACCTTCGTTCGTCGTCTGGGCCCGCAGGGTTGGCGTCTGGTTCAG 147

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        148 CGTGGTGACCCGGCTGCTTTCCGTGCTCTGGTTGCTCAGTGCCTGGTTTGCGTTCCGTGG 207

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        208 GACGCTCGTCCGCCGCCGGCTGCTCCGTCCTTCCGTCAGGTTTCCTGCCTGAAAGAACTG 267

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        268 GTTGCTCGTGTTCTGCAGCGTCTGTGCGAACGTGGTGCTAAAAACGTTCTGGCTTTCGGT 327

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        328 TTCGCTCTGCTGGACGGTGCTCGTGGTGGTCCGCCGGAAGCATTCACCACCTCCGTTCGT 387

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        388 TCCTACCTGCCGAACACCGTTACCGACGCTCTGCGTGGTTCCGGTGCTTGGGGTCTGCTG 447

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        448 CTGCGTCGTGTTGGTGACGACGTTCTGGTTCACCTGCTGGCTCGTTGCGCTCTGTTCGTT 507

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        508 CTGGTTGCTCCGTCCTGCGCTTACCAGGTTTGTGGTCCGCCGCTGTACCAGCTGGGTGCT 567

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        568 GCTACCCAGGCTCGTCCGCCGCCGCACGCTTCCGGTCCGCGTCGTCGTCTGGGTTGCGAA 627

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        628 CGTGCTTGGAACCACTCCGTTCGTGAAGCTGGTGTTCCGCTGGGTCTGCCGGCTCCGGGT 687

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        688 GCTCGTCGTCGTGGTGGTTCCGCTTCCCGTTCCCTGCCGCTGCCGAAACGTCCGCGTCGT 747

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        748 GGTGCTGCTCCGGAACCGGAACGTACCCCGGTTGGTCAGGGTTCCTGGGCTCACCCGGGT 807

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        808 CGTACCCGTGGTCCGTCCGACCGTGGTTTCTGCGTTGTTTCCCCGGCTCGTCCGGCTGAA 867

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        868 GAAGCTACCTCCCTGGAAGGTGCTCTGTCCGGCACCCGTCACTCCCACCCGTCCGTTGGT 927

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        928 CGTCAGCACCACGCTGGTCCGCCGTCCACCTCCCGTCCGCCGCGTCCGTGGGACACCCCG 987

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        988 TGCCCGCCGGTTTACGCTGAAACCAAACACTTCCTGTACTCCTCCGGTGACAAAGAACAG 1047

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1048 CTGCGTCCGTCCTTCCTGCTGTCCTCCCTGCGTCCGTCCCTGACCGGTGCTCGTCGTCTG 1107

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1108 GTTGAAACTATCTTCCTGGGTTCCCGTCCGTGGATGCCGGGCACCCCGCGTCGTCTGCCG 1167

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1168 CGTCTGCCGCAGCGTTACTGGCAGATGCGTCCGCTGTTCCTGGAACTGCTGGGCAACCAC 1227

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1228 GCTCAGTGCCCGTATGGTGTTCTGCTGAAAACCCACTGCCCGCTGCGTGCTGCTGTTACC 1287

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1288 CCGGCTGCTGGTGTTTGCGCTCGTGAAAAACCGCAGGGTTCCGTTGCTGCTCCGGAAGAA 1347

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1348 GAAGATACCGACCCGCGTCGTCTGGTTCAGCTGCTGCGTCAGCACTCCTCCCCGTGGCAG 1407

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1408 GTTTACGGTTTCGTTCGTGCATGCCTGCGTCGTCTGGTTCCGCCGGGTCTGTGGGGTTCC 1467

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1468 CGTCACAACGAACGTCGTTTCCTGCGTAACACCAAAAAATTCATCTCCCTGGGTAAACAC 1527

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1528 GCTAAACTGTCCCTGCAGGAACTGACCTGGAAAATGTCCGTTCGTGACTGCGCTTGGCTG 1587

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1588 CGTCGTTCTCCGGGTGTTGGTTGCGTTCCGGCTGCTGAACACCGTCTGCGTGAAGAAATC 1647

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1648 CTGGCTAAATTCCTGCACTGGCTGATGTCCGTATACGTTGTTGAACTGCTGCGTTCCTTC 1707

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1708 TTCTACGTTACCGAAACCACCTTCCAGAAAAACCGTCTGTTCTTCTACCGTAAATCCGTT 1767
```

```
Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1768 TGGTCCAAACTGCAGTCCATCGGTATCCGTCAGCACCTGAAACGTGTTCAGCTGCGTGAA 1827

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1828 CTGTCCGAAGCTGAAGTTCGTCAGCACCGTGAAGCTCGTCCGGCTCTGCTGACCTCCCGT 1887

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1888 CTGCGTTTCATCCCGAAACCGGACGGTCTGCGTCCGATCGTAAACATGGACTACGTTGTT 1947

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1948 GGTGCTCGTACCTTCCGTCGTGAAAAACGTGCTGAGCGTCTGACCTCCCGTGTTAAAGCT 2007

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2008 CTGTTCTCCGTTCTGAACTACGAACGTGCTCGTCGTCCGGGTCTGCTGGGTGCTTCCGTT 2067

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2068 CTGGGTCTGGACGACATCCACCGTGCTTGGCGTACCTTCGTTCTGCGTGTTCGTGCTCAG 2127

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2128 GACCCGCCGCCGGAACTGTACTTCGTTAAAGTTGACGTTACCGGCGCGTACGACACCATC 2187

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2188 CCGCAGGACCGTCTGACCGAAGTTATCGCTTCCATCATCAAACCGCAGAACACCTACTGC 2247

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2248 GTTCGTCGTTACGCTGTTGTTCAGAAAGCTGCTCACGGTCACGTTCGTAAAGCATTCAAA 2307

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2308 TCCCACGTTTCCACCCTGACCGACCTGCAGCCGTACATGCGTCAGTTCGTTGCTCACCTG 2367

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2368 CAGGAAACCTCCCCGCTGCGTGACGCTGTTGTTATCGAACAGTCCTCCTCCCTGAACGAA 2427

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2428 GCTTCCTCCGGTCTGTTCGACGTTTTCCTGCGTTTCATGTGCCACCACGCTGTTCGTATC 2487

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2488 CGTGGTAAATCCTACGTTCAGTGCCAGGGTATCCCGCAGGGTTCCATCCTGTCCACCCTG 2547

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2548 CTGTGCTCCCTGTGCTACGGTGACATGGAAAACAAACTGTTCGCTGGTATCCGTCGTGAC 2607

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2608 GGTCTGCTGCTGCGTCTGGTTGACGACTTCCTGCTGGTTACTCCGCACCTGACCCACGCT 2667

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2668 AAAACCTTCCTGCGTACCCTGGTTCGTGGTGTTCCGGAATACGGTTGCGTTGTAAACCTG 2727

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2728 CGTAAAACCGTTGTTAACTTCCCGGTTGAAGACGAAGCTCTGGGTGGCACCGCTTTCGTT 2787

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2788 CAGATGCCGGCTCACGGTCTGTTCCCGTGGTGCGGTCTGCTGCTGGACACCCGTACCCTG 2847

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2848 GAAGTTCAGTCCGACTACTCCTCCTACGCTCGTACCTCCATCCGTGCTTCCCTGACCTTC 2907

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2908 AACCGTGGTTTCAAAGCTGGTCGTAACATGCGTCGTAAACTGTTCGGTGTTCTGCGTCTG 2967

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2968 AAATGCCACTCCCTGTTCCTGGACCTGCAGGTAAACTCCCTGCAGACCGTTTGCACCAAC 3027

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3028 ATCTACAAAATCCTGCTGCTGCAGGCTTACCGTTTCCACGCGTGCGTTCTGCAGCTGCCG 3087

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3088 TTCCACCAGCAGGTTTGGAAAAACCCGACCTTCTTCCTGCGTGTTATCTCCGACACCGCT 3147

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3148 TCCCTGTGCTACTCCATCCTGAAAGCTAAAAACGCTGGTATGTCCCTGGGTGCTAAAGGT 3207

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3208 GCTGCTGGTCCGCTGCCGTCCGAAGCTGTTCAGTGGCTGTGCCACCAGGCTTTCCTGCTG 3267

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3268 AAACTGACCCGTCACCGTGTTACCTACGTTCCGCTGCTGGGTTCCCTGCGTACCGCTCAG 3327

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3328 ACCCAGCTGTCCCGTAAACTGCCGGGTACCACCCTGACCGCTCTGGAAGCTGCTGCTAAC 3387

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3388 CCGGCTCTGCCGTCCGACTTCAAAACCATCCTGGAC 3423
```

```
RESULT 12
AR104587
LOCUS       AR104587                 4015 bp    DNA     linear   PAT 14-FEB-2001
DEFINITION  Sequence 224 from patent US 6093809.
ACCESSION   AR104587
VERSION     AR104587.1  GI:12817295
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4015)
  AUTHORS   Cech,T.R. and Lingner,J.
  TITLE     Telomerase
  JOURNAL   Patent: US 6093809-A 224 25-JUL-2000;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..4015
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="unassigned DNA"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              7.86e-151       Length:         4015
Score:                  5961.00         Matches:        1132
Percent Similarity:     100.00%         Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%         Mismatches:     0
Query Match:            100.00%         Indels:         0
DB:                     6               Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AR104587 (1-4015)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115
```

```
Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1015

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451
```

```
RESULT 13
AR175848
LOCUS       AR175848                4015 bp    DNA     linear   PAT 17-DEC-2001
DEFINITION  Sequence 224 from patent US 6309867.
ACCESSION   AR175848
VERSION     AR175848.1  GI:17917147
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4015)
  AUTHORS   Cech,T.R. and Nakamura,T.
  TITLE     Telomerase
  JOURNAL   Patent: US 6309867-A 224 30-OCT-2001;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..4015
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="unassigned DNA"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:                7.86e-151     Length:        4015
Score:                    5961.00       Matches:       1132
Percent Similarity:       100.00%       Conservative:  0
Best Local Similarity:    100.00%       Mismatches:    0
Query Match:              100.00%       Indels:        0
DB:                       6             Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AR175848 (1-4015)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db     596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655

Qy     201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy     221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775

Qy     241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835

Qy     261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895

Qy     281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955

Qy     301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1015

Qy     321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075

Qy     341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy     361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy     381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy     401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy     421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy     441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy     461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495

Qy     481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555

Qy     501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615

Qy     521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy     541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy     561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy     581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy     601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy     621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy     641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy     661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy     681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

Qy     701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215

Qy     721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

Qy     741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

Qy     761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

Qy     781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455

Qy     801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515

Qy     821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575

Qy     841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635

Qy     861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695

Qy     881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy     901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815
```

```
Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451

RESULT 14
BD218834
LOCUS       BD218834                 4015 bp    DNA     linear   PAT 17-JUL-2003
DEFINITION  Method and composition for inducing immune response to telomerase
            antigen.
ACCESSION   BD218834
VERSION     BD218834.1  GI:33028604
KEYWORDS    JP 2002509716-A/1.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4015)
  AUTHORS   Gaeta,F.C.A.
  TITLE     Method and composition for inducing immune response to telomerase
            antigen
  JOURNAL   Patent: JP 2002509716-A 1 02-APR-2002;
            UNIVERSITY TECHNOLOGY CORP
COMMENT     OS   Homo sapiens (human)
            PN   JP 2002509716-A/1
            PD   02-APR-2002
            PF   30-MAR-1999 JP 2000541280
            PR   31-MAR-1998 US    60/112006
            PI   FEDERICO C A GAETA
            PC   C12N5/06,A61K35/14,A61K38/43,A61K39/00,A61P35/00,A61P37/00, PC
              C12N5/10,
            PC   C12N15/09,C12N5/00,A61K37/48,C12N5/00,C12N15/00 CC   human
            telomerase reverse transcriptase (hTRT) FH    Key
            Location/Qualifiers
                FT   CDS              (56)..(3454).
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..4015
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              7.86e-151     Length:        4015
Score:                  5961.00       Matches:       1132
Percent Similarity:     100.00%       Conservative:  0
Best Local Similarity:  100.00%       Mismatches:    0
Query Match:            100.00%       Indels:        0
DB:                     6             Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BD218834 (1-4015)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895
```

```
Qy    281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955

Qy    301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1015

Qy    321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075

Qy    341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy    361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy    381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy    401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy    421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy    441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy    461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495

Qy    481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555

Qy    501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615

Qy    521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy    541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy    561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy    581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy    601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy    621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy    641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy    661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy    681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

Qy    701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215

Qy    721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

Qy    741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

Qy    761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

Qy    781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455

Qy    801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515

Qy    821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575

Qy    841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635

Qy    861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695

Qy    881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy    901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815

Qy    921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy    941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy    961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy    981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy   1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy        1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy        1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy        1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy        1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy        1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy        1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451
```

RESULT 15
E36793

```
LOCUS       E36793                  4015 bp    DNA     linear   PAT 18-JUN-2001
DEFINITION  Human telomerase catalytic subunit promoter.
ACCESSION   E36793
VERSION     E36793.1  GI:13022756
KEYWORDS    JP 1999253177-A/1.
SOURCE      unidentified
  ORGANISM  unidentified
            unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4015)
  AUTHORS   Thomas,R.S., Jochimu,R., Toru,N., Karen,B.C., Greg,B.M.,
            Calvin,B.H. and William,H.A.
  TITLE     Human telomerase catalytic subunit promoter
  JOURNAL   Patent: JP 1999253177-A 1 21-SEP-1999;
            JERON CORP,UNIVERSITY TECHNOLOGY CORP
COMMENT     OS   Unidentified
            PN   JP 1999253177-A/1
            PD   21-SEP-1999
            PF   15-OCT-1998 JP 1998320169
            PR   01-OCT-1996 US    08/724.643,18-APR-1997 US    08/844.419, PR
            25-APR-1997 US    08/846.017,06-MAY-1997 US    08/851.843, PR
            09-MAY-1997 US    08/854.050,14-AUG-1997 US    08/911.312, PR
            14-AUG-1997 US    08/912.951,14-AUG-1997 US    08/915.503 PI    THOMAS
            R SECHI,JOCHIMU RINGNER,TORU NAKAMURA,KAREN B CHAPMAN, PI    GREG B
            MORIN,
            PI   CALVIN B HAREI,WILLIAM H ANDREWS
            PC   C12N15/09,A61K31/70,A61K38/55,A61K39/395,A61K39/395,A61K48/00,
            PC   C12Q1/02,
            PC   C12Q1/48,C12Q1/68,G01N33/15,G01N33/48,G01N33/50//C07K14/47, PC
              C07K16/40,
            PC   C12N1/19,C12N1/21,C12N5/10,C12N9/12,C12P21/08,(C12N1/19, PC
            C12R1 84),
            PC   (C12N1/21,C12R1 19),(C12N9/12,C12R1 19),(C12N9/12,C12R1 84),
            PC   (C12N9/12,C12R1 91),C12N15/00,A61K37/64,C12N5/00 CC
            Strandedness  Single,
            CC   Topology  Linear,
            FH   Key            Location/Qualifiers
            FT   CDS            56   3454
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1   4015
                     /organism="unidentified"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon 32644"
ORIGIN
```

?dp?

```
Alignment Scores:
Pred. No.:              7.86e-151      Length:         4015
Score:                  5961.00        Matches:        1132
Percent Similarity:     100.00%        Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%        Mismatches:     0
Query Match:            100.00%        Indels:         0
DB:                     6              Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x E36793 (1-4015)

Qy           1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy          21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy          41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy          61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy          81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
Db
Qy
Db
Qy
Db
Qy
Db
Qy
Db
Qy
Db
Qy
Db
Qy
Db
Qy
Db
Qy
Db
Qy
Db
```

Page 28

```
euAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

uLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215

ValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
ATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

AlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
 ||||||||||||||||||||||||||||||||
GCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

yrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
 |||||||||||||||||||||||||
TGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

nSerSerSerLeuAsnGlu 800
 ||||||||||||||||||
CTCCTCCCTGAATGAG 2455

sAlaValArgIle 820
 ||||||||||||
GTGCGCATC 2515

ThrLeu 840
 |||
CTG 2575

860
```

5

```
Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
Db       1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
Db       1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
Db       1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
Db       1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
Db       1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
Db       1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
Db       1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
Db       1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
Db       1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
Db       1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
Db       1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
Db       1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
Db       1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
Db       1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
Db       1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
Db       1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
Db       1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
Db       2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy        681 LeuGly[redacted]
Db       2096 CTGGGCCTGG[redacted]

Qy        701 AspProProProG[redacted]
Db       2156 GACCCGCCGCCTGAGC[redacted]

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGl[redacted]
Db       2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGT[redacted]

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLys[redacted]
Db       2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCC[redacted]

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnPro[redacted]
Db       2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTAC[redacted]

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluG[redacted]
Db       2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGA[redacted]

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisH[redacted]
Db       2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGC[redacted]

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSer[redacted]
Db       2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACG[redacted]

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp [redacted]
Db       2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 26[redacted]

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
Db       2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
Db       2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
Db       2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
Db       2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
Db       2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
Db       2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
Db       2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
Db       3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
Db       3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy         1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy         1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy         1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy         1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451
```

Search completed: October 28, 2004, 12:50:01
Job time : 11572 secs

```
OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on:         October 29, 2004, 08:05:49 ; Search time 16387 Seconds
                                             (without alignments)
                                             11586.510 Million cell updates/sec

Title:          US-10-044-692-1
Perfect score:  4015
Sequence:       1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGC..........TTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015

Scoring table:  IDENTITY_NUC
                Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched:       4526729 seqs, 23644849745 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      9053458

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       GenEmbl:*
                1:  gb_ba:*
                2:  gb_htg:*
                3:  gb_in:*
                4:  gb_om:*
                5:  gb_ov:*
                6:  gb_pat:*
                7:  gb_ph:*
                8:  gb_pl:*
                9:  gb_pr:*
                10:  gb_ro:*
                11:  gb_sts:*
                12:  gb_sy:*
                13:  gb_un:*
                14:  gb_vi:*
```

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	% Query Match	Length	DB	ID	Description
1	4015	100.0	4015	6	AR104587	AR104587 Sequence
2	4015	100.0	4015	6	AR175848	AR175848 Sequence
3	4015	100.0	4015	6	BD218834	BD218834 Method an
4	4015	100.0	4015	6	E36793	E36793 Human telom
5	4015	100.0	4015	6	AR182221	AR182221 Sequence
6	4015	100.0	4015	6	AR224455	AR224455 Sequence
7	4015	100.0	4015	6	AR226390	AR226390 Sequence
8	4015	100.0	4015	6	AR243328	AR243328 Sequence
9	4015	100.0	4015	6	AR263555	AR263555 Sequence
10	4015	100.0	4015	6	AR265996	AR265996 Sequence
11	4015	100.0	4015	6	AR390470	AR390470 Sequence
12	4015	100.0	4015	6	AR393084	AR393084 Sequence
13	4015	100.0	4015	6	AR404030	AR404030 Sequence
14	4015	100.0	4015	6	AR438403	AR438403 Sequence
15	4015	100.0	4015	6	AX019310	AX019310 Sequence
16	4015	100.0	4015	6	AX133979	AX133979 Sequence
17	4015	100.0	4015	6	AX552695	AX552695 Sequence
18	4015	100.0	4015	6	AX810036	AX810036 Sequence
19	4015	100.0	4015	6	BD011044	BD011044 Human tel
20	4015	100.0	4015	6	BD015832	BD015832 Quantitat
21	4015	100.0	4015	6	BD082985	BD082985 Method fo
22	4015	100.0	4015	6	BD131727	BD131727 Method fo
23	4015	100.0	4015	9	AF015950	AF015950 Homo sapi
24	4015	100.0	4042	6	AX001446	AX001446 Sequence
25	4015	100.0	4042	6	AX003121	AX003121 Sequence
26	4015	100.0	4042	6	BD136185	BD136185 Human tel
27	4015	100.0	4070	6	AX391846	AX391846 Sequence
28	4011.8	99.9	4015	6	CQ717133	CQ717133 Sequence
29	4008.6	99.8	4037	6	E36819	E36819 Human telom
30	4008.6	99.8	4037	6	AR390496	AR390496 Sequence
31	4008.6	99.8	4037	6	AR393110	AR393110 Sequence
32	4008.6	99.8	4037	6	AX810378	AX810378 Sequence
33	4008.6	99.8	4037	6	BD011070	BD011070 Human tel
34	4002	99.7	4027	6	BD233924	BD233924 Method an
35	4002	99.7	4027	9	AF018167	AF018167 Homo sapi
36	3956.8	98.6	3964	6	BD196267	BD196267 Vertebrat
37	3872	96.4	3918	6	BD196293	BD196293 Vertebrat
38	3849.2	95.9	4029	6	AR104586	AR104586 Sequence
39	3849.2	95.9	4029	6	AR175847	AR175847 Sequence
40	3849.2	95.9	4029	6	E36818	E36818 Human telom
41	3849.2	95.9	4029	6	AR390495	AR390495 Sequence
42	3849.2	95.9	4029	6	AR393109	AR393109 Sequence
43	3849.2	95.9	4029	6	AX810327	AX810327 Sequence
44	3849.2	95.9	4029	6	BD011069	BD011069 Human tel
45	3758	93.6	4022	6	BD196302	BD196302 Vertebrat

ALIGNMENTS

```
RESULT 1
AR104587
LOCUS       AR104587                4015 bp    DNA     linear   PAT 14-FEB-2001
DEFINITION  Sequence 224 from patent US 6093809.
ACCESSION   AR104587
VERSION     AR104587.1  GI:12817295
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4015)
  AUTHORS   Cech,T.R. and Lingner,J.
  TITLE     Telomerase
  JOURNAL   Patent: US 6093809-A 224 25-JUL-2000;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .4015
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="unassigned DNA"
ORIGIN

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
```

```
Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 2
AR175848
LOCUS       AR175848                4015 bp    DNA     linear   PAT 17-DEC-2001
DEFINITION  Sequence 224 from patent US 6309867.
ACCESSION   AR175848
VERSION     AR175848.1  GI:17917147
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4015)
  AUTHORS   Cech,T.R. and Nakamura,T.
  TITLE     Telomerase
  JOURNAL   Patent: US 6309867-A 224 30-OCT-2001;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..4015
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="unassigned DNA"
ORIGIN

  Query Match            100.0%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy          301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy          361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy          421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy          481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy          541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy          601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy          661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy          721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy          781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy          841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy          901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy          961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy         1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy         1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy         1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy         1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy         1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy         1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy         1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy         1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy         1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy         1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy         1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy         1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy         1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy         1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy         1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy         1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy         1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy         2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy         2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy         2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy         2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy         2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy         2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy         2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
```

```
Qy   2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy   2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy   2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy   2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy   2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy   2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy   2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy   2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy   2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy   3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy   3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy   3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy   3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy   3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy   3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy   3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy   3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy   3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy   3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy   3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy   3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy   3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy   3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy   3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy   3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy   3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 3
BD218834
LOCUS       BD218834                4015 bp    DNA     linear   PAT 17-JUL-2003
DEFINITION  Method and composition for inducing immune response to telomerase
            antigen.
ACCESSION   BD218834
VERSION     BD218834.1  GI:33028604
KEYWORDS    JP 2002509716-A/1.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4015)
  AUTHORS   Gaeta,F.C.A.
  TITLE     Method and composition for inducing immune response to telomerase
            antigen
  JOURNAL   Patent: JP 2002509716-A 1 02-APR-2002;
            UNIVERSITY TECHNOLOGY CORP
COMMENT     OS   Homo sapiens (human)
            PN   JP 2002509716-A/1
            PD   02-APR-2002
            PF   30-MAR-1999 JP 2000541280
            PR   31-MAR-1998 US    60/112006
            PI   FEDERICO C A GAETA
            PC   C12N5/06,A61K35/14,A61K38/43,A61K39/00,A61P35/00,A61P37/00, PC
              C12N5/10,
            PC   C12N15/09,C12N5/00,A61K37/48,C12N5/00,C12N15/00 CC   human
            telomerase reverse transcriptase (hTRT) FH    Key
            Location/Qualifiers
            FT   CDS              (56)..(3454).
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..4015
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
ORIGIN

  Query Match            100.0%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;
```

```
Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy        2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy        2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy        2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy        2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy        2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy        2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy        2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy        2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy        3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy        3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy        3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy        3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy        3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 4
E36793
LOCUS       E36793                 4015 bp    DNA     linear   PAT 18-JUN-2001
DEFINITION  Human telomerase catalytic subunit promoter.
ACCESSION   E36793
VERSION     E36793.1  GI:13022756
KEYWORDS    JP 1999253177-A/1.
SOURCE      unidentified
  ORGANISM  unidentified
            unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4015)
  AUTHORS   Thomas,R.S., Jochimu,R., Toru,N., Karen,B.C., Greg,B.
            Calvin,B.H. and William,H.A.
  TITLE     Human telomerase catalytic subunit promoter
  JOURNAL   Patent: JP 1999253177-A 1 21-SEP-1999;
            JERON CORP,UNIVERSITY TECHNOLOGY CORP
COMMENT     OS   Unidentified
            PN   JP 1999253177-A/1
            PD   21-SEP-1999
            PF   15-OCT-1998 JP 1998320169
            PR   01-OCT-1996 US    08/724.643,18-AP
            25-APR-1997 US    08/846 017,06-MAY-1
```

```
        09-MAY-1997 US    08/854.050,14-AUG-1997 US    08/911.312, PR
        14-AUG-1997 US    08/912.951,14-AUG-1997 US    08/915.503 PI    THOMAS
        R SECHI,JOCHIMU RINGNER,TORU NAKAMURA,KAREN B CHAPMAN, PI    GREG B
        MORIN,
        PI    CALVIN B HAREI,WILLIAM H ANDREWS
        PC    C12N15/09,A61K31/70,A61K38/55,A61K39/395,A61K39/395,A61K48/00,
        PC    C12Q1/02,
        PC    C12Q1/48,C12Q1/68,G01N33/15,G01N33/48,G01N33/50//C07K14/47, PC
          C07K16/40,
        PC    C12N1/19,C12N1/21,C12N5/10,C12N9/12,C12P21/08,(C12N1/19, PC
        C12R1:84),
        PC    (C12N1/21,C12R1:19),(C12N9/12,C12R1:19),(C12N9/12,C12R1:84),
        PC    (C12N9/12,C12R1:91),C12N15/00,A61K37/64,C12N5/00 CC
        Strandedness: Single;
        CC    Topology: Linear;
        FH    Key                Location/Qualifiers
        FT    CDS                56. .3454.
FEATURES          Location/Qualifiers
     source       1. .4015
                  /organism="unidentified"
                  /mol_type="genomic DNA"
                  /db_xref="taxon:32644"
ORIGIN

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCC

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGA
              ||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGA

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCC
              ||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCC

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTC
              ||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTC

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCT
              ||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCT

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACA
              ||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

-1997 US   08/844.419, PR
97 US   08/851.843, PR

```
Db   1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy   1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy   1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy   1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy   1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy   2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy   2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy   2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy   2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy   2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy   2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy   2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy   2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy   2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy   2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy   2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy   2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy   2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy   2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy   2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy   2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy   3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy   3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy   3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy   3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy   3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy   3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy   3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy   3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy   3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy   3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy   3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy   3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCAC

Qy   3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAAT
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAG

Qy   3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGC
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCT

Qy   3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCT
          ||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGA

Qy   3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTG
          ||||||||||||||||||||||
Db   3901 CCCTGTACACAGGCGAGGAC
```

```
Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


RESULT 5
AR182221
LOCUS       AR182221                4015 bp    DNA     linear   PAT 20-APR-2002
DEFINITION  Sequence 1 from patent US 6337200.
ACCESSION   AR182221
VERSION     AR182221.1  GI:20225137
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4015)
  AUTHORS   Morin,G.B.
  TITLE     Human telomerase catalytic subunit variants
  JOURNAL   Patent: US 6337200-A 1 08-JAN-2002;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..4015
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="unassigned DNA"
ORIGIN

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
```

Check
Date

```
Qy        661 CTGGAACCAT
              ||||||||||
Db        661 CTGGAACCATA

Qy        721 GAGGCGCGGGGG
              ||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGC

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGG
              ||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGA

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGAC
              ||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACG

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGC
              ||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCG

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCAT
              ||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATG

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAG
              ||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGC                          AGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTC                 GCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              |||||||||||||||||||||||                 |||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTG           AGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy        1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy        1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy        1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy        1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy        2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy        2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy        2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy        2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy        2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy        2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy        2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy        2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy        2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy        2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy        2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy        3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC

Qy        3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCA
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCAC

Qy        3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCA
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGAC

Qy        3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGG
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGT
```

```
Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTGAAAAAAA 4015


RESULT 6
AR224455
LOCUS       AR224455                4015 bp    DNA     linear   PAT 26-SEP-2002
DEFINITION  Sequence 1 from patent US 6440735.
ACCESSION   AR224455
VERSION     AR224455.1  GI:23333293
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4015)
  AUTHORS   Gaeta,F.C.A.
  TITLE     Dendritic cell vaccine containing telomerase reverse transcriptase
            for the treament of cancer
  JOURNAL   Patent: US 6440735-A 1 27-AUG-2002;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..4015
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"
ORIGIN

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACC

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTC

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTC
              |||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCT

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTG
              |||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTT

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCC

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
```

Alek Date

```
Qy   1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy   1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy   1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy   1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy   1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy   2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy   2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy   2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy   2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy   2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy   2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy   2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy   2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy   2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy   2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy   2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy   2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy   2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy   2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy   2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy   2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy   3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy   3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy   3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy   3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy   3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy   3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy   3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy   3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy   3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy   3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy   3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy   3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy   3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy   3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy   3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy   3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGG 3960

Qy         3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015

RESULT 7
AR226390
LOCUS       AR226390                4015 bp    mRNA    linear   PAT 20-DEC-2002
DEFINITION  Sequence 1 from patent US 6444650.
ACCESSION   AR226390
VERSION     AR226390.1  GI:27264905
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4015)
  AUTHORS   Cech,T.R., Lingner,J., Nakamura,T., Chapman,K.B., Morin,G.B.,
            Harley,C.B. and Andrews,W.H.
  TITLE     Antisense compositions for detecting and inhibiting telomerase
            reverse transcriptase
  JOURNAL   Patent: US 6444650-A 1 03-SEP-2002;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..4015
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="mRNA"
ORIGIN

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy            1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy           61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy          121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy          181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy          241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy          301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy          361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy          421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy          481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy          541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy          601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy          661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy          721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy          781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy          841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy          901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy          961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy         1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy         1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy         1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy         1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy         1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy         1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy         1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy         1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy         1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy         1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy         1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
```

```
Qy   1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy   1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy   1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy   1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy   1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy   1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy   2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy   2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy   2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy   2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy   2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy   2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy   2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy   2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy   2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy   2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy   2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy   2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy   2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy   2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy   2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy   2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy   3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy   3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy   3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy   3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy   3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy   3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy   3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy   3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy   3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy   3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy   3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy   3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy   3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy   3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy   3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


RESULT 8
AR243328
LOCUS       AR243328                4015 bp    mRNA    linear   PAT 20-DEC-2002
DEFINITION  Sequence 1 from patent US 6475789.
ACCESSION   AR243328
VERSION     AR243328.1  GI:27290539
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4015)
  AUTHORS   Cech,T.R., Lingner,J., Nakamura,T., Chapman,K.B., Morin,G.B.,
            Harley,C.B. and Andrews,W.H.
  TITLE     Human telomerase catalytic subunit: diagnostic and therapeutic
            methods
  JOURNAL   Patent: US 6475789-A 1 05-NOV-2002;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..4015
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="mRNA"
ORIGIN

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 34
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGG

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGC
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTT

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTG
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCG

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACA

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTC
              ||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCT

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCC
              |||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTC
```

```
Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015

RESULT 9
AR263555
LOCUS       AR263555                4015 bp    DNA     linear   PAT 29-JAN-2003
DEFINITION  Sequence 3 from patent US 6331399.
ACCESSION   AR263555
VERSION     AR263555.1  GI:28075300
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4015)
  AUTHORS   Monia,B.P., Gaarde,W.A. and Wancewicz,E.
  TITLE     Antisense inhibition of tert expression
  JOURNAL   Patent: US 6331399-A 3 18-DEC-2001;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .4015
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"
ORIGIN

  Query Match            100.0%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGG
              ||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCG

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCG
              ||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCC

Qy        661 CTGGAACCATAGC
              ||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGC

Qy        721 GAGGCGCGGGGG
              |||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGG

Qy        781 TGCCCCTGAGCC
              |||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGC

Qy        841 GCGTGGACCGA
              ||||||||||
Db        841 GCGTGGACCG

Qy        901 CACCTCTTTG
              ||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACG

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
```

Chuck Dile

```
Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db     3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy     3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy     3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGG 3960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGG 3960

Qy     3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 10
AR265996
LOCUS       AR265996                4015 bp    DNA     linear   PAT 10-APR-2003
DEFINITION  Sequence 3 from patent US 6492171.
ACCESSION   AR265996
VERSION     AR265996.1  GI:29694842
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4015)
  AUTHORS   Monia,B.P., Gaarde,W.A., Freier,S.M. and Wancewicz,E.
  TITLE     Antisense modulation of TERT expression
  JOURNAL   Patent: US 6492171-A 3 10-DEC-2002;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..4015
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"
ORIGIN

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy       61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy      121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy      181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy      241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy      301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy      361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy      421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy      481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy      541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy      601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy      661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy      721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy      781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy      841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy      901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy      961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy     1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy     1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy     1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy     1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy     1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy     1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy     1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy     1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy     1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy     1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
```

Check Date

```
Qy      1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy      1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy      1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy      1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy      1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy      1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy      1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy      2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy      2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy      2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy      2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy      2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy      2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy      2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy      2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy      2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy      2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy      2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy      2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy      2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy      2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy      2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy      2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy      3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy      3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy      3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy      3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy      3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy      3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy      3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy      3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy      3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy      3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy      3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy      3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy      3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy      3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
```

```
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


RESULT 11
AR390470
LOCUS       AR390470                4015 bp    mRNA    linear   PAT 18-DEC-2003
DEFINITION  Sequence 1 from patent US 6610839.
ACCESSION   AR390470
VERSION     AR390470.1  GI:40112394
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4015)
  AUTHORS   Morin,G.B. and Andrews,W.H.
  TITLE     Promoter for telomerase reverse transcriptase
  JOURNAL   Patent: US 6610839-A 1 26-AUG-2003;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..4015
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="mRNA"
ORIGIN

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
```

```
Db        1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy        1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy        1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy        1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy        1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy        1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy        1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy        1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy        2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy        2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy        2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy        2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy        2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy        2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy        2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy        2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy        2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy        2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy        2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy        3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
```

```
Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 12
AR393084
LOCUS       AR393084                4015 bp    mRNA    linear   PAT 18-DEC-2003
DEFINITION  Sequence 1 from patent US 6617110.
ACCESSION   AR393084
VERSION     AR393084.1  GI:40118359
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4015)
  AUTHORS   Cech,T.R., Lingner,J., Nakamura,T., Chapman,K.B., Morin,G.B.,
            Harley,C.B. and Andrews,W.H.
  TITLE     Cells immortalized with telomerase reverse transcriptase for use in
            drug screening
  JOURNAL   Patent: US 6617110-A 1 09-SEP-2003;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..4015
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="mRNA"
ORIGIN

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
```

```
Qy        1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy        1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy        1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy        1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy        1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy        1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy        1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy        1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy        2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy        2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy        2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy        2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy        2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy        2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy        2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy        2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy        2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy        2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy        2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy        3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy         3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy         3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy         3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy         3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


RESULT 13
AR404030
LOCUS       AR404030                4015 bp    mRNA    linear   PAT 18-DEC-2003
DEFINITION  Sequence 1 from patent US 6627619.
ACCESSION   AR404030
VERSION     AR404030.1  GI:40152014
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4015)
  AUTHORS   Cech,T.R., Lingner,J., Nakamura,T., Chapman,K.B., Morin,G.B.,
            Harley,C.B. and Andrews,W.H.
  TITLE     Antisense compositions for detecting and inhibiting telomerase
            reverse transcriptase
  JOURNAL   Patent: US 6627619-A 1 30-SEP-2003;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..4015
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="mRNA"
ORIGIN

  Query Match            100.0%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy            1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy           61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy          121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy          181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy          241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy          301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy          361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy          421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy          481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy          541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy          601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy          661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy          721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy          781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy          841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy          901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy          961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy         1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy         1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy         1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy         1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy         1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy         1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy         1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy         1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
```

```
Qy    1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy    1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy    1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy    1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy    1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy    1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy    1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy    1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy    1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy    2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy    2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy    2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy    2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy    2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy    2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy    2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy    2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy    2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy    2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy    2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy    2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy    2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy    2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy    2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy    2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy    3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy    3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy    3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy    3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy    3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy    3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy    3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy    3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy    3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy    3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy    3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy    3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


RESULT 14
AR438403
LOCUS       AR438403                4015 bp    DNA     linear   PAT 20-FEB-2004
DEFINITION  Sequence 1 from patent US 6664046.
ACCESSION   AR438403
VERSION     AR438403.1  GI:42663256
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4015)
  AUTHORS   Chang,S.-Y.P. and Santini,C.D.
  TITLE     Quantitation of hTERT mRNA expression
  JOURNAL   Patent: US 6664046-A 1 16-DEC-2003;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..4015
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="genomic DNA"
ORIGIN

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
```

```
Qy   1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy   1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy   1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy   1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy   1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy   1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy   1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy   1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy   1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy   2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy   2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy   2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy   2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy   2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy   2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy   2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy   2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy   2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy   2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy   2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy   2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy   2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy   2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy   2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy   2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy   3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy   3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy   3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy   3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy   3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy   3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy   3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy   3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy   3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy   3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy   3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy   3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


RESULT 15
AX019310
LOCUS       AX019310                4015 bp    DNA     linear   PAT 07-SEP-2000
DEFINITION  Sequence 10 from Patent WO9940221.
ACCESSION   AX019310
VERSION     AX019310.1  GI:10043297
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Dahm,M.W., Phelps,R.C. and Brockmeyer,C.
  TITLE     Method for quantitatively analyzing tumor cells in a body fluid and
            test kits suited therefor
  JOURNAL   Patent: WO 9940221-A 10 12-AUG-1999;
            DAHM MICHAEL W (DE); PHELPS ROBERT C (DE); BROCKMEYER CARSTEN (DE)
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..4015
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="unassigned DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
ORIGIN

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db     1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy     1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy     1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy     1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy     1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy     1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy     1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy     1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy     1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy     1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy     1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy     2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy     2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy     2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy     2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy     2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy     2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy     2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy     2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy     2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy     2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy     2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy     2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy     2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy     2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy     2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy     2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy     3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy     3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy     3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy     3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy     3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy     3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy     3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy     3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy     3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy     3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
```

```
Qy      3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy      3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy      3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy      3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy      3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy      3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy      3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

Search completed: October 29, 2004, 20:54:42
Job time : 16400 secs

```
OM protein - nucleic search, using frame_plus_p2n model

Run on:         October 28, 2004, 09:37:01 ; Search time 7840 Seconds
                                              (without alignments)
                                              5261.451 Million cell updates/sec

Title:          US-10-044-692-2
Perfect score:  5961
Sequence:       1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYRE..........TALEAAANPALPSDFKTILD 1132

Scoring table:  BLOSUM62
                Xgapop 10.0 , Xgapext  0.5
                Ygapop 10.0 , Ygapext  0.5
                Fgapop  6.0 , Fgapext  7.0
                Delop   6.0 , Delext   7.0

Searched:       32822875 seqs, 18219865908 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      65645750

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Command line parameters:
-MODEL=frame+_p2n.model -DEV=xlh
-Q=/cgn2_1/USPTO_spool/US10044692/runat_28102004_103655_1370/app_query.fasta_1.1287
-DB=EST -QFMT=fastap -SUFFIX=rst -MINMATCH=0.1 -LOOPCL=0 -LOOPEXT=0
-UNITS=bits -START=1 -END=-1 -MATRIX=blosum62 -TRANS=human40.cdi -LIST=45
-DOCALIGN=200 -THR_SCORE=pct -THR_MAX=100 -THR_MIN=0 -ALIGN=15 -MODE=LOCAL
-OUTFMT=pto -NORM=ext -HEAPSIZE=500 -MINLEN=0 -MAXLEN=2000000000
-USER=US10044692_@CGN_1_1_4804_@runat_28102004_103655_1370 -NCPU=6 -ICPU=3
-NO_MMAP -LARGEQUERY -NEG_SCORES=0 -WAIT -DSPBLOCK=100 -LONGLOG
-DEV_TIMEOUT=120 -WARN_TIMEOUT=30 -THREADS=1 -XGAPOP=10 -XGAPEXT=0.5 -FGAPOP=6
-FGAPEXT=7 -YGAPOP=10 -YGAPEXT=0.5 -DELOP=6 -DELEXT=7

Database :      EST:*
                1:  gb_est1:*
                2:  gb_est2:*
                3:  gb_htc:*
                4:  gb_est3:*
                5:  gb_est4:*
                6:  gb_est5:*
                7:  gb_est6:*
                8:  gb_gss1:*
                9:  gb_gss2:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.
```

SUMMARIES

Result No.	Score	% Query Match	Length	DB	ID	Description
1	2645	44.4	1826	9	AY407349	AY407349 Homo sapi
2	2168	36.4	1584	9	AY407350	AY407350 Pan trogl
3	1805	30.3	1835	9	AY407351	AY407351 Mus muscu
4	1406	23.6	925	4	BM453198	BM453198 AGENCOURT
5	1028	17.2	851	5	BU702370	BU702370 UI-M-FI0-
6	875	14.7	851	4	BG917907	BG917907 602820830
7	776	13.0	492	4	BM824748	BM824748 K-EST0096
8	771.5	12.9	664	5	BQ258274	BQ258274 NISC_kp11
9	682	11.4	1424	3	CR688161	CR688161 Tetraodon
10	667.5	11.2	649	7	CF531069	CF531069 UI-M-FY0-
11	666.5	11.2	688	7	CF531121	CF531121 UI-M-FY0-
12	646	10.8	389	1	AA281296	AA281296 zt08g02.r
13	610	10.2	599	2	BB618671	BB618671 BB618671
14	567	9.5	409	7	CN274427	CN274427 170005313
15	566	9.5	866	2	BE371943	BE371943 601217728
16	554	9.3	614	2	BB651920	BB651920 BB651920
17	517	8.7	775	4	BI388013	BI388013 BFL26_002
18	515	8.6	753	5	BU452535	BU452535 603767927
19	484.5	8.1	846	7	CN505902	CN505902 AGENCOURT
20	481.5	8.1	880	5	BU377259	BU377259 603811228
21	463	7.8	668	6	CA380121	CA380121 659344 NC
22	457	7.7	724	5	BX889962	BX889962 BX889962
23	449.5	7.5	632	6	CA353864	CA353864 625469 NC
24	443.5	7.4	715	2	BE396925	BE396925 601290610
25	437	7.3	703	5	BX886589	BX886589 BX886589
26	436	7.3	344	7	CF531258	CF531258 UI-M-FY0-
27	425	7.1	409	1	AA311750	AA311750 EST182469
28	425	7.1	679	2	BE396606	BE396606 601289077
29	424	7.1	835	5	BU111946	BU111946 603127372
30	422	7.1	649	2	BE514070	BE514070 601316575
31	411	6.9	610	2	BE514188	BE514188 601316376
32	395.5	6.6	696	5	BU139751	BU139751 603134527
33	387	6.5	343	6	BY783093	BY783093 BY783093
34	384	6.4	338	6	BY784804	BY784804 BY784804
35	380	6.4	336	6	BY775178	BY775178 BY775178
c 36	377	6.3	347	2	AW244516	AW244516 BR_END06B
37	374	6.3	326	5	BY149368	BY149368 BY149368
38	373	6.3	641	8	AZ972318	AZ972318 2M0246F07
39	366	6.1	619	7	CK392784	CK392784 K0850A03-
40	357.5	6.0	779	2	BE268183	BE268183 601125261
41	348.5	5.8	875	5	BU122597	BU122597 603148441
42	348.5	5.8	930	7	CO014076	CO014076 EST802411
c 43	314	5.3	983	7	CO028055	CO028055 EST806439
c 44	307	5.2	1023	7	CO024489	CO024489 EST802873
45	291.5	4.9	774	7	CF547484	CF547484 AGENCOURT

ALIGNMENTS

```
RESULT 1
AY407349
LOCUS       AY407349                1826 bp    DNA     linear   GSS 15-DEC-2003
DEFINITION  Homo sapiens TERT gene, VIRTUAL TRANSCRIPT, partial sequence,
            genomic survey sequence.
ACCESSION   AY407349
VERSION     AY407349.1  GI:39763320
KEYWORDS    GSS.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1826)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Inferring nonneutral evolution from human-chimp-mouse orthologous
            gene trios
  JOURNAL   Science 302 (5652), 1960-1963 (2003)
   PUBMED   14671302
REFERENCE   2  (bases 1 to 1826)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (16-NOV-2003) Celera Genomics, 45 West Gude Drive,
            Rockville, MD 20850, USA
COMMENT     This sequence was made by sequencing genomic exons and ordering
            them based on alignment.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..1826
```

```
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
     gene            <1..>1826
                     /gene="TERT"
                     /locus_tag="HCM2861"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              4.89e-173       Length:         1826
Score:                  2645.00         Matches:        526
Percent Similarity:     86.66%          Conservative:   0
Best Local Similarity:  86.66%          Mismatches:     81
Query Match:            44.37%          Indels:         0
DB:                     9               Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AY407349 (1-1826)

Qy        526 ValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIleLeuAlaLysPheLeu 545
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3 GTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCCTG 62

Qy        546 HisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhePheTyrValThrGlu 565
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         63 CACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGGAG 122

Qy        566 ThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerValTrpSerLysLeuGln 585
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        123 ACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGCAA 182

Qy        586 SerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGluLeuSerGluAlaGlu 605
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        183 AGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGCAGAG 242

Qy        606 ValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArgLeuArgPheIlePro 625
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        243 GTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCGCTTCATCCCC 302

Qy        626 LysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValValGlyAlaArgThrPhe 645
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        303 AAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGCCAGAACGTTC 362

Qy        646 ArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAlaLeuPheSerValLeu 665
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        363 CGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTTCAGCGTGCTC 422

Qy        666 AsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerValLeuGlyLeuAspAsp 685
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        423 AACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGGCCTGGACGAT 482

Qy        686 IleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGlnAspProProProGlu 705
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        483 ATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCCGCCGCCTGAG 542

Qy        706 LeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIleProGlnAspArgLeu 725
              |||||||||||||||
Db        543 CTGTACTTTGTCAAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 602

Qy        726 ThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCysValArgArgTyrAla 745

Db        603 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 662

Qy        746 ValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLysSerHisValSerThr 765
                                                                 |||||||||
Db        663 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTCTCTACC 722

Qy        766 LeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeuGlnGluThrSerPro 785
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        723 TTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGAGACCAGCCCG 782

Qy        786 LeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGluAlaSerSerGlyLeu 805
              |||||||||||||||||||||||||||
Db        783 CTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 842

Qy        806 PheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIleArgGlyLysSerTyr 825
                                                                     |||||||
Db        843 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTCCTAC 902

Qy        826 ValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeuLeuCysSerLeuCys 845
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        903 GTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTGCAGCCTGTGC 962

Qy        846 TyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAspGlyLeuLeuLeuArg 865
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        963 TACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTGCTCCTGCGT 1022

Qy        866 LeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAlaLysThrPheLeuArg 885
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1023 TTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAACCTTCCTCAGG 1082

Qy        886 ThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeuArgLysThrValVal 905
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1083 ACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAGTGGTG 1142

Qy        906 AsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheValGlnMetProAlaHis 925
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1143 AACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGCCGGCCCAC 1202

Qy        926 GlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeuGluValGlnSerAsp 945
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1203 GGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGCGAC 1262

Qy        946 TyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPheAsnArgGlyPheLys 965
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1263 TACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTCAAG 1322

Qy        966 AlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeuLysCysHisSerLeu 985
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1323 GCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGCCTG 1382

Qy        986 PheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsnIleTyrLysIleLeu 1005
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1383 TTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATCCTC 1442

Qy       1006 LeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuProPheHisGlnGlnVal 1025
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1443 CTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAAGTT 1502

Qy       1026 TrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAlaSerLeuCysTyrSer 1045
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1503 TGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTACTCC 1562

Qy       1046 IleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGlyAlaAlaGlyProLeu 1065
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1563 ATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGCCGGCCCTCTG 1622

Qy       1066 ProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeuLysLeuThrArgHis 1085
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1623 CCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCTGACTCGACAC 1682

Qy       1086 ArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGlnThrGlnLeuSerArg 1105
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1683 CGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCAGCTGAGTCGG 1742

Qy       1106 LysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsnProAlaLeuProSer 1125
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1743 AAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGCACTGCCCTCA 1802

Qy       1126 AspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              |||||||||||||||||||||
Db       1803 GACTTCAAGACCATCCTGGAC 1823

RESULT 2
AY407350
LOCUS       AY407350                1584 bp    DNA     linear   GSS 15-DEC-2003
DEFINITION  Pan troglodytes TERT gene, VIRTUAL TRANSCRIPT, partial sequence,
```

```
              genomic survey sequence.
ACCESSION     AY407350
VERSION       AY407350.1  GI:39763321
KEYWORDS      GSS.
SOURCE        Pan troglodytes (chimpanzee)
  ORGANISM    Pan troglodytes
              Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
              Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Pan.
REFERENCE     1  (bases 1 to 1584)
  AUTHORS     Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
              Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
              Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
              Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE       Inferring nonneutral evolution from human-chimp-mouse orthologous
              gene trios
  JOURNAL     Science 302 (5652), 1960-1963 (2003)
   PUBMED     14671302
REFERENCE     2  (bases 1 to 1584)
  AUTHORS     Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
              Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
              Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
              Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE       Direct Submission
  JOURNAL     Submitted (16-NOV-2003) Celera Genomics, 45 West Gude Drive,
              Rockville, MD 20850, USA
COMMENT       This sequence was made by sequencing genomic exons and ordering
              them based on alignment.
FEATURES               Location/Qualifiers
     source            1..1584
                       /organism="Pan troglodytes"
                       /mol_type="genomic DNA"
                       /db_xref="taxon:9598"
     gene              <1..>1584
                       /gene="TERT"
                       /locus_tag="HCM2861"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              5.54e-140     Length:         1584
Score:                  2168.00       Matches:        432
Percent Similarity:     82.73%        Conservative:   4
Best Local Similarity:  81.97%        Mismatches:     91
Query Match:            36.37%        Indels:         0
DB:                     9             Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AY407350 (1-1584)

Qy        526 ValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIleLeuAlaLysPheLeu 545
              |||||    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3 GTTGGCTCTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCTTG 62

Qy        546 HisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhePheTyrValThrGlu 565
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         63 CACTGGCTGATGAGTGTGTACGTTGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGGAG 122

Qy        566 ThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerValTrpSerLysLeuGln 585
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        123 ACCACGTTTCAGAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGCAA 182

Qy        586 SerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGluLeuSerGluAlaGlu 605
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        183 AGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGCAGAG 242

Qy        606 ValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArgLeuArgPheIlePro 625
              ||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        243 GTCAGGCAGCATCAGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCGCTTCATCCCC 302

Qy        626 LysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValValGlyAlaArgThrPhe 645
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        303 AAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGCCAGAACGTTC 362

Qy        646 ArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAlaLeuPheSerValLeu 665
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        363 CGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTTCAGCGTGCTC 422

Qy        666 AsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerValLeuGlyLeuAspAsp 685
                     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        423 ANNNACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGGCCTGGACGAT 482

Qy        686 IleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGlnAspProProProGlu 705
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        483 ATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCCGCCGCCTGAG 542

Qy        706 LeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIleProGlnAspArgLeu 725
              |||||||||||||||
Db        543 CTGTACTTTGTCAAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 602

Qy        726 ThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCysValArgArgTyrAla 745

Db        603 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 662

Qy        746 ValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLysSerHisValSerThr 765
                                                                  ||||||||
Db        663 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTCTCTACC 722

Qy        766 LeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeuGlnGluThrSerPro 785
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        723 TTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGAGACCAGCCCA 782

Qy        786 LeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGluAlaSerSerGlyLeu 805
              |||||||||||||||:::|||||||||
Db        783 CTGAGGGATGCCGTCATCATCGAGCAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 842

Qy        806 PheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIleArgGlyLysSerTyr 825
                                                                    ||||||
Db        843 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTCCTAC 902

Qy        826 ValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeuLeuCysSerLeuCys 845
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        903 GTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTGTCCACGCTGCTCTGCAGCCTGTGC 962

Qy        846 TyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAspGlyLeuLeuLeuArg 865
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        963 TACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTGCTCCTGCGT 1022

Qy        866 LeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAlaLysThrPheLeuArg 885
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||     ||||||
Db       1023 TTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAGCCTTCCTCANG 1082

Qy        886 ThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeuArgLysThrValVal 905
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1083 ACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAGTAGTG 1142

Qy        906 AsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheValGlnMetProAlaHis 925
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||
Db       1143 AACTTCCCTGTAGAAGATGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGCTGCCGGCCCAC 1202

Qy        926 GlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeuGluValGlnSerAsp 945
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1203 GGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGACACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGCGAC 1262

Qy        946 TyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPheAsnArgGlyPheLys 965
              |||||||||||||||||||||||||        |||||||||||||||||||||||||||
Db       1263 TACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCNNNNCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTCAAG 1322

Qy        966 AlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeuLysCysHisSerLeu 985
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1323 GCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGCCTG 1382

Qy        986 PheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsnIleTyrLysIleLeu 1005
              |||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||    |||
Db       1383 TTTCTGGATTTGCAGNTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAANNTCCTC 1442

Qy       1006 LeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuProPheHisGlnGlnVal 1025
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1443 CTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAAGTT 1502
```

```
Qy       1026 TrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAlaSerLeuCysTyrSer 1045

Db       1503 TGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCATCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTACTCC 1562

Qy       1046 IleLeuLysAlaLysAsnAla 1052

Db       1563 ATCCTGAAAGCCAAGAACGCA 1583

RESULT 3
AY407351
LOCUS       AY407351                1835 bp    DNA     linear   GSS 15-DEC-2003
DEFINITION  Mus musculus TERT gene, VIRTUAL TRANSCRIPT, partial sequence,
            genomic survey sequence.
ACCESSION   AY407351
VERSION     AY407351.1  GI:39763322
KEYWORDS    GSS.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1835)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Inferring nonneutral evolution from human-chimp-mouse orthologous
            gene trios
  JOURNAL   Science 302 (5652), 1960-1963 (2003)
   PUBMED   14671302
REFERENCE   2  (bases 1 to 1835)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (16-NOV-2003) Celera Genomics, 45 West Gude Drive,
            Rockville, MD 20850, USA
COMMENT     This sequence was made by sequencing genomic exons and ordering
            them based on alignment.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..1835
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:10090"
     gene            <1..>1835
                     /gene="TERT"
                     /locus_tag="HCM2861"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              1.17e-114     Length:         1835
Score:                  1805.00       Matches:        373
Percent Similarity:     69.56%        Conservative:   52
Best Local Similarity:  61.05%        Mismatches:     176
Query Match:            30.28%        Indels:         11
DB:                     9             Gaps:           3

US-10-044-692-2 (1-1132) x AY407351 (1-1835)

Qy        529 ValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIleLeuAlaLysPheLeuHisTrpLeu 548

Db         12 GTCCCCGCTGCAGAGCACCGTCTGAGGGAGAGGATCCTGGCTACGTTCCTGTTCTGGCTG 71

Qy        549 MetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhePheTyrValThrGluThrThrPhe 568

Db         72 ATGGACACATACGTGGTACAGCTGCTTAGGTCATTCTTTTACATCACAGAGAGCACATTC 131

Qy        569 GlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerValTrpSerLysLeuGlnSerIleGly 588

Db        132 CAGAAGAACAGGCTCTTCTTCTACCGTAAGAGTGTGTGGAGCAAGCTGCAGAGCATTGGA 191

Qy        589 IleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGluLeuSerGluAlaGluValArgGln 608

Db        192 GTCAGGCAACACCTTGAGAGAGTGCGGCTACGGGAGCTGTCACAAGAGGAGGTCAGGCAT 251

Qy        609 HisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArgLeuArgPheIleProLysProAsp 628

Db        252 CACCAGGACACCTGGCTAGCCATGCCCATCTGCAGACTGCGCTTCATCCCCAAGCCCAAC 311

Qy        629 GlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValValGlyAlaArgThrPheArgArgGlu 648

Db        312 GGCCTGCGGCCCATTGTGAACATGAGTTATAGCATGGGTACCAGAGCTTTGGGCAGAAGG 371

Qy        649 Lys-ArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAlaLeuPheSerValLeuAsnTyrGl 668

Db        372 AAGCAGGGCCCAGCATTTCACCCAGCGTCTCAAGACTCTCTTCAGCATGCTCAACTATGA 431

Qy        668 uArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerValLeuGlyLeuAspAspIleHisAr 688

Db        432 GCGGACAAAACATCCTCACCTTATGGGGTCTTCTGTACTGGGTATGAATGACATCTACAG 491

Qy        688 gAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGlnAspProProProGluLeuTyrPh 708

Db        492 GACCTGGCGGGCCTTTGTGCTGCGTGTGCGTGCTCTGGACCAGACACCCAGGATGTACTT 551

Qy        708 eValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIleProGlnAspArgLeuThrGluVa 728

Db        552 TGTTAAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 611

Qy        728 lIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCysValArgArgTyrAlaValValGl 748

Db        612 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 671

Qy        748 nLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLysSerHisValSerThrLeuThrAs 768

Db        672 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTCACCACCCTCTCTGA 731

Qy        768 pLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeuGlnGluThr------SerProLe 786

Db        732 CCTCCAGCCATACATGGGCCAGTTCCTTAAGCATCTGCAGGATTCAGATGCCAGTGCACT 791

Qy        786 uArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGluAlaSerSerGlyLeuPh 806

Db        792 GAGGAACTCCGTTGTCATCGAGCAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 851

Qy        806 eAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIleArgGlyLysSerTyrVa 826

Db        852 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTGCTATAC 911

Qy        826 lGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeuLeuCysSerLeuCysTy 846

Db        912 GCAGTGCCAGGGCATCCCCCAGGGCTCCAGCCTATCCACCCTGCTCTGCAGTCTGTGTTT 971

Qy        846 rGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAspGlyLeuLeuLeuArgLe 866

Db        972 CGGAGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCTGAGGTGCAGCGGGATGGGTTGCTTTTACGTTT 1031

Qy        866 uValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAlaLysThrPheLeuArgTh 886

Db       1032 TGTTGATGACTTTCTGTTGGTGACGCCTCACTTGGACCAAGCAAAAACCTTCCTCAGCAC 1091

Qy        886 rLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeuArgLysThrValValAs 906

Db       1092 CCTGGTCCATGGCGTTCCTGAGTATGGGTGCATGATAAACTTGCAGAAGACAGTGGTGAA 1151

Qy        906 nPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheValGlnMetProAlaHisGl 926

Db       1152 CTTCCCTGTGGAGCCTGGTACCCTGGGTGGTGCAGCTCCATACCAGCTGCCTGCTCACTG 1211

Qy        926 yLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeuGluValGlnSerAspTy 946

Db       1212 CCTGTTTCCCTGGTGTGGCTTGCTGCTGGACACTCAGACTTTGGAGGTGTTCTGTGACTA 1271

Qy        946 rSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPheAsnArgGlyPheLysAl 966
```

```
Db       1272 CTCAGGTTATGCCCAGACCTCAATTAAGACGAGCCTCACCTTCCAGAGTGTCTTCAAAGC 1331

Qy        966 aGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeuLysCysHisSerLeuPh 986
              |||:::   ||||||  ||||||      ||||||||||||||||||    |||||
Db       1332 TGGGAAGACCATGCGGAACAAGCTCCTGTCGGTCTTGCGGTTGAAGTGTCACGGTCTATT 1391

Qy        986 eLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsnIleTyrLysIleLeuLe 1006
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||    ||||||||||||||   ||
Db       1392 TCTAGACTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACAGTCTGCATCAATATATACAAGATCTTCCT 1451

Qy       1006 uLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuProPheHisGlnGlnValTr 1026
              ||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||    |||:::|||
Db       1452 GCTTCAGGCCTACAGGTTCCATGCATGTGTGATTCAGCTTCCCTTTGACCAGCGTGTTAG 1511

Qy       1026 pLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAlaSerLeuCysTyrSerIl 1046
                ||||||    ||||||||||||     :::||||||      ||||||    ||||||:::||
Db       1512 GAAGAACCTCACATTCTTTCTGGGCATCATCTCCAGCCAAGCATCCTGCTGCTATGCTAT 1571

Qy       1046 eLeuLysAlaLysAsnAla------------GlyMetSerLeuGlyAlaLysGlyAlaAl 1062
               ||||||  ||||||                 ||||||:::|||   |||   |||:::
Db       1572 CCTGAAGGTCAAGAATCC-AGTGATCCCCCAGGAATGACACTAAAGGCCTCTGGCTCC-- 1628

Qy       1062 aGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeuLysLe 1082
                             |||    ||||||       |||||||||:::||||||||||||||||||
Db       1629 -------TTTCCTCCTGAAGCCGCACATTGGCTCTGCTACCAGGCCTTCCTGCTCAAGCT 1681

Qy       1082 uThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGlnThrGl 1102
              |      |||    |||    |||        |||||||||      ||||||||||||||
Db       1682 GGCTGCTCATTCTGTCATCTACAAATGTCTCCTGGGACCTCTGAGGACAGCCCAAAAACT 1741

Qy       1102 nLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsnProAl 1122
               |||·  ||||||||||||         |||:::|||   |||:::|||||||||:::||||
Db       1742 GCTGTGCCGGAAGCTCCCAGAGGCGACAATGACCATCCTTAAAGCTGCAGCTGACCCAGC 1801

Qy       1122 aLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||    :::||||||:::|||||||||||
Db       1802 CCTAAGCACAGACTTTCAGACCATTTTGGAC 1832

RESULT 4
BM453198
LOCUS       BM453198                 925 bp    mRNA    linear   EST 05-FEB-2002
DEFINITION  AGENCOURT_6387556 NIH_MGC_71 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5529840
            5', mRNA sequence.
ACCESSION   BM453198
VERSION     BM453198.1  GI:18502238
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 925)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: ATCC
             cDNA Library Preparation: Life Technologies, Inc.
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Agencourt Bioscience Corporation
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
            Plate: LLAM12208  row: p  column: 01
            High quality sequence stop: 646.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..925
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:5529840"
                     /tissue_type="leiomyosarcoma"
                     /lab_host="DH10B (phage-resistant)"
                     /clone_lib="NIH_MGC_71"
                     /note="Organ: uterus; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1: NotI;
                     Site_2: SalI; Cloned unidirectionally.  Primer: Oligo dT.
                     Average insert size 2.1 kb. "
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:               2.2e-87        Length:        925
Score:                   1406.00        Matches:       274
Percent Similarity:      98.92%         Conservative:  0
Best Local Similarity:   98.92%         Mismatches:    1
Query Match:             23.59%         Indels:        2
DB:                      4              Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BM453198 (1-925)

Qy        699 AlaGlnAspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAsp 718
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3 GCCCAGGACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGAC 62

Qy        719 ThrIleProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThr 738
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         63 ACCATTCCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACG 122

Qy        739 TyrCysValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAla 758
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        123 TACTGCGTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCC 182

Qy        759 PheLysSerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAla 778
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        183 TTCAAGAGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCT 242

Qy        779 HisLeuGlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeu 798
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        243 CACCTGCAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTG 302

Qy        799 AsnGluAlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaVal 818
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        303 AATGAGGCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTG 362

Qy        819 ArgIleArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSer 838
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        363 CGCATCAGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCC 422

Qy        839 ThrLeuLeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArg 858
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        423 ACGCTGCTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGG 482

Qy        859 ArgAspGlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThr 878
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        483 CGGGACGGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACC 542

Qy        879 HisAlaLysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValVal 898
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        543 CACGCGAAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTG 602

Qy        899 AsnLeuArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAla 918
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        603 AACTTGCGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCT 662

Qy        919 PheValGlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArg 938
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        663 TTTGTTCAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGG 722

Qy        939 ThrLeuGluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeu 958
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        723 ACCCTGGAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTC 782

Qy        959 ThrPheAsnArgGlyPheLysAla--GlyArgAsnMetArgArgLys 973
              ||||||||||||||||||||||    |||||||||||||||||||
Db        783 ACCTTCAACCGCGGCTTCAAAGGCTGGGAAGGAACATGCGTCGCAAA 829

RESULT 5
```

```
BU702370
LOCUS       BU702370                 851 bp    mRNA    linear   EST 15-JUL-2003
DEFINITION  UI-M-FI0-byx-f-12-0-UI.r1 NIH_BMAP_FI0 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:6400523 5', mRNA sequence.
ACCESSION   BU702370
VERSION     BU702370.1  GI:23627105
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 851)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Dr. Jim Lin, University of Iowa
             cDNA Library preparation: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             cDNA Library Arrayed by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             DNA Sequencing by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             Clone Distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
             This clone was contributed by the Brain Molecular Anatomy Project
            (BMAP)
            Seq primer: pYX-5.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..851
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:6400523"
                     /tissue_type="whole brain"
                     /dev_stage="embryo 12.5dpc"
                     /lab_host="DH10B (T1 phage resistant)"
                     /clone_lib="NIH_BMAP_FI0"
                     /note="Organ: Brain; Vector: pYX- Asc; Site_1: EcoR I;
                     Site_2: Not I; The library was constructed according
                     Bonaldo, Lennon and Soares, Genome Research, 6:791-806,
                     1996. Denatured RNA was size fractionated on a 1% agarose
                     gel.First strand cDNA synthesis was primed with oligo-dT
                     primer containing a Not I site. Double strand cDNA was
                     size selected according to mRNA size fraction, ligated
                     with EcoR I adaptor, digested with NotI and then cloned
                     directionally into pYX-Asc vector. The library tag
                     sequence located between the Not I site and the polyA tail
                     is CAGCCACGAC. This library was created for the University
                     Iowa Brain Anatomy Project (BMAP): 'Gene Discovery in the
                     Developing Mouse Nervous System', supported by National
                     Institute of Mental Health (NIMH), Hemin Chin, Ph.D.,
                     program coordinator."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              3.6e-61       Length:         851
Score:                  1028.00       Matches:        197
Percent Similarity:     80.85%        Conservative:   31
Best Local Similarity:  69.86%        Mismatches:     52
Query Match:            17.25%        Indels:         2
DB:                     5             Gaps:           1

US-10-044-692-2 (1-1132) x BU702370 (1-851)

Qy        738 ThrTyrCysValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLys 757
              |||||||||:::|||:::||||||||||||::::::   :::   |||    |||   |||
Db          6 ACGTACTGTATCCGCCAGTATGCAGTGGTCCGGAGAGATAGCCAAGGCCAAGTCCACAAG 65

Qy        758 AlaPheLysSerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheVal 777
              :::|||:::         |||:::||||||:::||||||||||||||||||    ||||||:::
Db         66 TCCTTTAGGAGACAGGTCACCACCCTCTCTGACCTCCAGCCATACATGGGCCAGTTCCTT 125

Qy        778 AlaHisLeuGlnGluThr------SerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSer 795
                 |||||||||::::::          |||   ||||||::::::||||||||||||||||||
Db        126 AAGCATCTGCAGGATTCAGATGCCAGTGCACTGAGGAACTCCGTTGTCATCGAGCAGAGC 185

Qy        796 SerSerLeuAsnGluAlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHis 815
                 |||:::||||||:::||||||      |||||||||     ||||||   |||:::   |||
Db        186 ATCTCTATGAATGAGAGCAGCAGCAGCCTGTTTGACTTCTTCCTGCACTTCCTGCGTCAC 245

Qy        816 HisAlaValArgIleArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySer 835
                    |||:::|||      :::   |||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db        246 AGTGTCGTAAAGATTGGTGACAGGTGCTATACGCAGTGCCAGGGCATCCCCCAGGGCTCC 305

Qy        836 IleLeuSerThrLeuLeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAla 855
              ||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||
Db        306 AGCCTATCCACCCTGCTCTGCAGTCTGTGTTTCGGAGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCT 365

Qy        856 GlyIleArgArgAspGlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrPro 875
              ::::::||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db        366 GAGGTGCAGCGGGATGGGTTGCTTTTACGTTTTGTTGATGACTTTCTGTTGGTGACGCCT 425

Qy        876 HisLeuThrHisAlaLysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGly 895
              ||||||      ||||||||||||||||||   |||||||||   ||||||||||||||||||
Db        426 CACTTGGACCAAGCAAAAACCTTCCTCAGCACCCTGGTCCATGGCGTTCCTGAGTATGGG 485

Qy        896 CysValValAsnLeuArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGly 915
              |||::::::||||||:::||||||||||||||||||||||||||||         ||||||
Db        486 TGCATGATAAACTTGCAGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTGGAGCCTGGTACCCTGGGT 545

Qy        916 GlyThrAlaPheValGlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeu 935
              |||   |||      |||:::|||||||||   |||||||||||||||||||||||||||
Db        546 GGTGCAGCTCCATACCAGCTGCCTGCTCACTGCCTGTTTCCCTGGTGTGGCTTGCTGCTG 605

Qy        936 AspThrArgThrLeuGluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArg 955
              ||||||:::||||||||||||         ||||||||||:::|||||||||:::
Db        606 GACACTCAGACTTTGGAGGTGTTCTGTGACTACTCAGGTTATGCCCAGACCTCAATTAAG 665

Qy        956 AlaSerLeuThrPheAsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPhe 975
                 ||||||||||||         |||   ||||||:::   ||||||      |||
Db        666 ACGAGCCTCACCTTCCAGAGTGTCTTCANAGCTGGGAAGACCATGCGGAACANGCTCCTG 725

Qy        976 GlyValLeuArgLeuLysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGln 995
                 |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        726 TCGGTCTTGCGGTTGAAGTGTCACGGTCTATTTCTAGACTTGCAGGTGAACAGCCTCCAG 785

Qy        996 ThrValCysThrAsnIleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCys 1015
              |||||||||   |||||||||||||||   ||||||      ||||||||||||||||||
Db        786 ACAGTCTGCATCAATATATACAAGATCTTCCTGCTTCANGGCTACAGGTTCCATGCATGT 845

Qy       1016 ValLeu 1017
              |||:::
Db        846 GTGATT 851

RESULT 6
BG917907
LOCUS       BG917907                 851 bp    mRNA    linear   EST 05-JUN-2001
DEFINITION  602820830F1 NCI_CGAP_Mam6 Mus musculus cDNA clone IMAGE:4949887 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   BG917907
VERSION     BG917907.1  GI:14298383
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 851)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Jeffrey Green M.D.
             cDNA Library Preparation: Life Technologies, Inc.
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
```

```
            DNA Sequencing by: Incyte Genomics, Inc.
            Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
            Plate: LLAM10903  row: k  column: 08
            High quality sequence stop: 753.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .851
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="FVB/N"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:4949887"
                     /sex="female, virgin"
                     /tissue_type="infiltrating ductal carcinoma"
                     /dev_stage="5 months"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_Mam6"
                     /note="Organ: mammary; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1: SalI;
                     Site_2: NotI; Cloned unidirectionally.  Primer: Oligo dT.
                     Library constructed by Life Technologies. Investigator
                     providing samples: Jeffrey Green, M.D., NIH"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              1.54e-50      Length:        851
Score:                  875.00        Matches:       188
Percent Similarity:     76.28%        Conservative:  21
Best Local Similarity:  68.61%        Mismatches:    61
Query Match:            14.68%        Indels:        7
DB:                     4             Gaps:          1

US-10-044-692-2 (1-1132) x BG917907 (1-851)

Qy        856 GlyIleArgArgAspGlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrPro 875
              |||::::::||||||||    |||||||||        |||||||||||   |||||||||
Db         10 GGGGTGCAGCGGGATGGGTG-CTTTTACGTTG-TGTGATGACTTTCTGTAGGTGACGCCT 67

Qy        876 HisLeuThrHisAlaLysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGly 895
              ||||||     ||||||||||||||   |||||||||    ||||||||||||||||||
Db         68 CACTTGGACCAAGCAAAAACCTTCCTCAGCACCCTGGTCCATGGCGTTCCTGAGTATGGG 127

Qy        896 CysValValAsnLeuArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGly 915
              |||::::::||||||:::|||||||||||||||||||||||||       ||||||
Db        128 TGCATGATAAACTTGCAGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTGGAGCCTGGTACCCTGGGT 187

Qy        916 GlyThrAlaPheValGlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeu 935
              |||    |||      |||:::|||||||||   ||||||||||||||||||||||||||
Db        188 GGTGCAGCTCCATACCAGCTGCCTGCTCACTGCCTGTTTCCCTGGTGTGGCTTGCTGCTG 247

Qy        936 AspThrArgThrLeuGluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArg 955
              ||||||:::|||||||||||||       |||||||||    ||||||:::|||||||||:::
Db        248 GACACTCAGACTCTGGAGGTGTTCTGTGACTACTCAGGTTATGCCCAGACCTCAATTAAG 307

Qy        956 AlaSerLeuThrPheAsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPhe 975
                 |||||||||||           |||||||||||:::     ||||||   ||||||
Db        308 ACGAGCCTCACCTTCCAGAGTGTCTTCAAAGCTGGGAAGACCATGCGGAACAAGCTCCTG 367

Qy        976 GlyValLeuArgLeuLysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGln 995
                 ||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        368 TCGGTCTTGCGGTTGAAGTGTCACGGTCTATTTCTAGACTTGCAGGTGAACAGCCTCCAG 427

Qy        996 ThrValCysThrAsnIleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCys 1015
              |||||||||   |||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||
Db        428 ACAGTCTGCATCAATATATACAAGATCTTCCTGCTTCAGGCCTACAGGTTCCATGCATGT 487

Qy       1016 ValLeuGlnLeuProPheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgVal 1035
              |||:::||||||||||||    |||:::|||    ||||||    |||||||||||   :::
Db        488 GTGATTCAGCTTCCCTTTGACCAGCGTGTTAGGAAGAACCTCACATTCTTTCTGGGCATC 547

Qy       1036 IleSerAspThrAlaSerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSer 1055
              ||||||         ||||||   ||||||:::|||||||||   ||||||   ||||||:::
Db        548 ATCTCCAGCCAAGCATCCTGCTGCTATGCTATCCTGAAGGTCAAGAATCCAGGAATGACA 607

Qy       1056 LeuGlyAlaLysGlyAlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHis 1075
              |||   |||   |||:::                 |||   ||||||     |||||||||:::
Db        608 CTAAAGGCCTCTGGCTCC---------TTTCCTCCTGAAGCCGA-CATTGGCTCTGCTAC 657

Qy       1076 GlnAlaPheLeu-LeuLysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySe 1095
              ||||||||||| |||||||||        |||   |||   |||      ||||||||
Db        658 CAGGCCTTCCTGGCTCAAGCTGGCTGCTCATTCTGTCATCTACAAATGTCTCCTGGGACC 717

Qy       1095 rLeuArgThrAlaGlnThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLe 1115
               ||||||||||||||        |||   |||||||||           |||:::|||   ||
Db        718 TCTGAGGACAGCCCAAAAACCGCTGTGCCGGAAGCTCGCAGAGGCGACAATGACCATGCT 777

Qy       1115 uGluAlaAlaAlaAsnProAlaLeuProSerAspPheLys 1128
               |   |||||||||:::|||    |||    :::|||||||:::
Db        778 TACAGCTGCAGCTGACCCAGACCTAAGGACAGACTTTCAG 817

RESULT 7
BM824748
LOCUS       BM824748                492 bp    mRNA    linear   EST 06-MAR-2002
DEFINITION  K-EST0096335 S22SNU16n1 Homo sapiens cDNA clone S22SNU16n1-99-E07
            5', mRNA sequence.
ACCESSION   BM824748
VERSION     BM824748.1  GI:19181161
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 492)
  AUTHORS   Kim,N.S., Hahn,Y., Oh,J.H., Lee,J.Y., Ahn,H.Y., Chu,M.Y., Kim,M.R.,
            Oh,K.J., Cheong,J.E., Sohn,H.Y., Kim,J.M., Park,H.S., Kim,S. and
            Kim,Y.S.
  TITLE     21C Frontier Korean EST Project 2001
  JOURNAL   Unpublished (2002)
COMMENT     Contact: Kim YS
            Genome Research Center
            Korea Research Institute of Bioscience & Biotechnology
            52 Eoeun-dong Yuseong-gu, Daejeon 305-333, South Korea
            Tel: +82-42-860-4470
            Fax: +82-42-860-4409
            Email: yongsung@mail.kribb.re.kr
            Plate: 99  row: E  column: 07
            High quality sequence stop: 492.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .492
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="S22SNU16n1-99-E07"
                     /sex="F"
                     /tissue_type="Ascites"
                     /cell_type="Lymphoblast-like"
                     /cell_line="SNU-16"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="S22SNU16n1"
                     /note="Organ: Stomach; Vector: pT7T3-Pac; Site_1: EcoRI;
                     Site_2: NotI; The S22SNU16 library was contributed by the
                     Soares laboratory and it was constructed as described by
                     Bonaldo, M.F., Lennon, G. and Soares, M.B. (1996), Genome
                     Research 6(9): 791-806. RNA was prepared from harvested
                     cells of SNU-16 culture. SNU-16 cell was obtained from
                     Korean Cell Line Bank (KCLB). SNU-16 was established from
                     ascitic fluids of Korean patients by Park J.G. et al.
                     (1990), Cancer Res 50: 2773-2780."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              5.07e-44      Length:        492
Score:                  776.00        Matches:       148
Percent Similarity:     100.00%       Conservative:  0
Best Local Similarity:  100.00%       Mismatches:    0
Query Match:            13.02%        Indels:        0
```

```
DB:                    4            Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BM824748 (1-492)

Qy        905 ValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheValGlnMetProAla 924
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGCCGGCC 60

Qy        925 HisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeuGluValGlnSer 944
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 CACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGC 120

Qy        945 AspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPheAsnArgGlyPhe 964
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTC 180

Qy        965 LysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeuLysCysHisSer 984
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 AAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGC 240

Qy        985 LeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsnIleTyrLysIle 1004
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 CTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATC 300

Qy       1005 LeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuProPheHisGlnGln 1024
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAA 360

Qy       1025 ValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAlaSerLeuCysTyr 1044
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTAC 420

Qy       1045 SerIleLeuLysAlaLysAsnAla 1052
              ||||||||||||||||||||||||
Db        421 TCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCA 444
```

RESULT 8
BQ258274

```
LOCUS       BQ258274                 664 bp    mRNA    linear   EST 06-MAY-2002
DEFINITION  NISC_kp11g04.q3 Baker mouse embryo e7.5 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:5409222, mRNA sequence.
ACCESSION   BQ258274
VERSION     BQ258274.1  GI:20459030
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 664)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP),
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            cDNA Library Preparation: J. Baker (Stanford University)
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium/LLNL
             DNA Sequencing by: National Institutes of Health Intramural
            Sequencing Center (NISC)
             Clone distribution: NCI-CGAP clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            info@image.llnl.gov
             MGI:1845958
            Plate: LLAM12043  row: N  column: 7
            Seq primer: Sp6 primer.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..664
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="CD-1"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:5409222"
                     /tissue_type="embryo, late gastrula"
                     /dev_stage="embryo, 7.5 dpc"
                     /lab_host="XL1-Blue"
                     /clone_lib="Baker mouse embryo e7.5"
                     /note="Vector: pCS105; Site_1: NotI; Site_2: SalI; cDNA
                     made by oligo-dT priming. Directionally cloned into
                     SalI/NotI sites using the following 5' adaptor:
                     5'-TCGACCCACGCGTCCG-3'. Size-selected for average insert
                     size 1.8-1.9 kb. Library constructed by J. Baker (Stanford
                     University)."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              1.65e-43        Length:          664
Score:                  771.50          Matches:         153
Percent Similarity:     72.03%          Conservative:    17
Best Local Similarity:  64.83%          Mismatches:      45
Query Match:            12.94%          Indels:          21
DB:                     5               Gaps:            2

US-10-044-692-2 (1-1132) x BQ258274 (1-664)

Qy        352 ProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeuValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrp 371
              |||:::||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||
Db         10 CCTAACTTGACTGGGGCCAGGAGACTGGTGGAGATCATCTTTCTGGGCTCAAGGCCTAGG 69

Qy        372 MetProGlyThrProArgArgLeuProArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgPro 391
                    |||         |||      |||||    :::||||||||||||||||||||
Db         70 ACATCAGGACCACTCTGCAGGACACACCGTCTATCGCGTCGATACTGGCAGATGCGGCCC 129

Qy        392 LeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHisAlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThr 411
              ||||||   :::|||||||   ||||||||:::|||      |||          -||||||::::::
Db        130 CTGTTCCAACAGCTGCTGGTGAACCATGCAGAGTGCCAATATGTCAGACTCCTCAGGTCA 189

Qy        412 HisCysProLeuArgAlaAla---------ValThrProAlaAlaGlyValCysAlaArg 428
              ||||||         |||.  |||            ||||||   |||
Db        190 CATTGCAGGTTTCGAACAGCAAACCAACAGGTGACAGATGCCTTG--------------- 234

Qy        429 GluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGluGluAspThrAspProArgArgLeu 448
                                                    :::|||    |||      |||
Db        235 ---------------------------------------AACACCAGCCCACCGCACCTC 255

Qy        449 ValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGlnValTyrGlyPheValArgAlaCys 468
              :::   ||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||
Db        256 ATGGATTTGCTCCGCCTGCACAGCAGTCCCTGGCAGGTATATGGTTTTCTTCGGGCCTGT 315

Qy        469 LeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySerArgHisAsnGluArgArgPheLeu 488
              |||    ::::::|||                ||||||||:::||||||||||||||||||
Db        316 CTCTGCAAGGTGGTGTCTGCTAGTCTCTGGGGTACCAGGCACAATGAGCGCCGCTTCTTT 375

Qy        489 ArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHisAlaLysLeuSerLeuGlnGluLeu 508
              :::|||   |||||||||||||||||||||||:::    ||||||||||||||||||
Db        376 AAGAACTTAAAGAAGTTCATCTCGTTGGGGAAATACGGCAAGCTATCACTGCAGGAACTG 435

Qy        509 ThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeuArgArgSerProGlyValGlyCys 528
                  |||||||||   |||      ||||||   |||||||||   |||||||||
Db        436 ATGTGGAAGATGAAAGTAGAGGATTGCCACTGGCTCCGCAGCAGCCCAGGGAAGGACCGT 495

Qy        529 ValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIleLeuAlaLysPheLeuHisTrpLeu 548
              ||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||   ||||||   ||||||
Db        496 GTCCCCGCTGCAGAGCACCGTCTGAGGGAGAGGATCCTGGCTACGTTCCTGTTCTGGCTG 555

Qy        549 MetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhePheTyrValThrGluThrThrPhe 568
              |||      |||||||||:::||||||||||||||||||||||:::||||||:::||||||
Db        556 ATGGACACATACGTGGTACAGCTGCTTAGGTCATTCTTTTACATCACAGAGAGCACATTC 615

Qy        569 GlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerValTrpSerLysLeu 584
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        616 CAGAAGAACAGGCTCTTCTTCTACCGTAAGAGTGTGTGGAGCAAGCTG 663
```

RESULT 9
CR688161

```
LOCUS       CR688161                1424 bp    mRNA    linear   HTC 12-AUG-2004
DEFINITION  Tetraodon nigroviridis full-length cDNA.
```

```
ACCESSION   CR688161
VERSION     CR688161.1  GI:51186068
KEYWORDS    HTC; cDNA; full-length; Tetraodon nigroviridis.
SOURCE      Tetraodon
  ORGANISM  Tetraodon
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Euteleostei; Neoteleostei;
            Acanthomorpha; Acanthopterygii; Percomorpha; Tetraodontiformes;
            Tetradontoidea; Tetraodontidae.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1424)
  AUTHORS   Genoscope.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (10-AUG-2004) Genoscope - Centre National de Sequencage -
            : 2 rue Gaston Cremieux, CP 5706 - 91057 EVRY cedex - FRANCE
            (E-mail : seqref@genoscope.cns.fr - Web : www.genoscope.cns.fr)
COMMENT     The sequences are based on single pass reads.
            More information available at
            http://www.genoscope.cns.fr/tetraodon.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..1424
                     /organism="Tetraodon"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:47144"
                     /tissue_type="Eyes"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              8.77e-37      Length:         1424
Score:                  682.00        Matches:        155
Percent Similarity:     58.36%        Conservative:   51
Best Local Similarity:  43.91%        Mismatches:     140
Query Match:            11.44%        Indels:         8
DB:                     3             Gaps:           3

US-10-044-692-2 (1-1132) x CR688161 (1-1424)

Qy        780 LeuGlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsn 799
Db         21 CTGCAGGAAAAAGGGAAGATTCACCACTCAATACTGGTAGAGCAGCATTTCTCCTCAGAT 80

Qy        800 GluAlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArg 819
Db         81 CTACAAGGAGAAGATGCACTGAAATTCTTTACTCAAATGCTAACGGGCAGCGTGGTTAAG 140

Qy        820 IleArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThr 839
Db        141 TTTGGAAAAAAAACATACAGACAGTGCAGAGGGGTTCCTCAGGGATCTGCTGTGTCCAGT 200

Qy        840 LeuLeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGly---IleArg 858
Db        201 GTGCTTTGCTGCCTCTGCTATGGTCTTATGGAGAACGTCCTATTCAAGGACATCATTAAA 260

Qy        859 ArgAspGlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThr 878
Db        261 AACAAAGGCTCTTTAATGAGACTGGTGGATGACTTCCTTCTCATCACCCCTGACCTGCGC 320

Qy        879 HisAlaLysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValVal 898
Db        321 GACGCACAGACCTTTTTGAAGATTCTGCTGGCTGGGGTCCCTCAGTATGGTTTGGTGGCT 380

Qy        899 AsnLeuArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAla 918
Db        381 AATCCTCAGAAGATTGTGGTCAATTTTGAGGATTCTGAGAGCACAAACTCTTGTCCTGGC 440

Qy        919 PheValGlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArg 938
Db        441 ATTCGTGTGCTTCCCCTACGCTGCCTCTTCCCCTGGTGTGGACTGCTGCTGGATACATAC 500

Qy        939 ThrLeuGluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeu 958
Db        501 AATCTCGACATCTATAAAGACTATTCTAGCTATGCAAACCTGTCCTTGCGCTACAGCCTT 560

Qy        959 ThrPheAsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeu 978
Db        561 ACTTTAGGCCCCTGCCACTGTGCTGGACAGCAAATGAAGAGAAAACTGAT-GGC---TTC 616

Qy        979 ArgLeuLysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCys 998
Db        617 AGACTGAAGTGCCATGCCTTGTTCTTTGATCTAAAGACCAACTCTCTTGAAGCCATCTAT 676

Qy        999 ThrAsnIleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGln 1018
Db        677 AAGAATATCTACAAATTACTGCTGCTTCACGCACTCAGGTTCCATGTGTGTGCTCAGGGT 736

Qy       1019 LeuProPheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAsp 1038
Db        737 CTGCCCTTTGGTCAGACTGTTGCTAAGAACCCAGCATACTTCCTGCTGATGATATGGCAT 796

Qy       1039 ThrAlaSerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAla 1058
Db        797 ATGGCTGAGTACACCAATCATCTCGTCAGGCTCAGCAACAAT------------GGCAGT 844

Qy       1059 LysGlyAlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeu-CysHisGlnAlaPh 1078
Db        845 AAAGCTCAGACTGGCTCTGTGCAGCATGAAGCAGTGGAGCTGCTTTTCTGCTCTATCCTT 904

Qy       1078 eLeuLeuLysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgTh 1098
Db        905 CTTGCTGGTGCTGTCCAAACATCGACGTCTCTATAAAGATCTGCTCCCACACCTGCAAAA 964

Qy       1098 rAlaGlnThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAl 1118
Db        965 ACGGAAGCGCAGTTTAGAGCAGCGCCTGGGAGACCTGAGGTTGGCCAGAGTCCGACAGGC 1024

Qy       1118 aAlaAsnProAlaLeuProSerAspPheLysThrIle 1130
Db       1025 TGCTCAGCCCAGGACGCCAGTGGACTTCTTGGCAATT 1061

RESULT 10
CF531069
LOCUS       CF531069                 649 bp    mRNA    linear   EST 12-SEP-2003
DEFINITION  UI-M-FY0-cgp-c-19-0-UI.r1 NIH_BMAP_FY0 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:30355746 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CF531069
VERSION     CF531069.1  GI:34583033
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 649)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Dr. Jim Lin, University of Iowa
             cDNA Library preparation: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             cDNA Library Arrayed by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             DNA Sequencing by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             Clone Distribution: Distribution information can be found at
            http://genome.uiowa.edu/distribution/mousefl.html
             This clone was contributed by the Brain Molecular Anatomy Project
            (BMAP)
            Seq primer: pYX-5.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..649
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:30355746"
                     /tissue_type="whole brain"
                     /dev_stage="embryo 13.5,14.5,16.5,17.5dpc"
                     /lab_host="DH10B (T1 phage resistant)"
                     /clone_lib="NIH_BMAP_FY0"
```

```
                    /note="Organ: Brain; Vector: pYX- Asc; Site_1: EcoR I;
                    Site_2: Not I; The library was constructed according
                    Bonaldo, Lennon and Soares, Genome Research, 6:791-806,
                    1996. Denatured RNA was size fractionated on a 1% agarose
                    gel. First strand cDNA synthesis was primed with oligo-dT
                    primer containing a Not I site. Double strand cDNA was
                    size selected according to mRNA size fraction, ligated
                    with EcoR I adaptor, digested with NotI and then cloned
                    directionally into pYX-Asc vector. The library tag
                    sequence located between the Not I site and the polyA tail
                    is AGCGAGACAG. This library was created for the University
                    Iowa Brain Anatomy Project (BMAP): 'Gene Discovery in the
                    Developing Mouse Nervous System', supported by National
                    Institute of Mental Health (NIMH), Hemin Chin, Ph.D.,
                    program coordinator."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.69e-36        Length:         649
Score:                  667.50          Matches:        153
Percent Similarity:     46.32%          Conservative:   17
Best Local Similarity:  41.69%          Mismatches:     32
Query Match:            11.20%          Indels:         165
DB:                     7               Gaps:           3

US-10-044-692-2 (1-1132) x CF531069 (1-649)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              |||   ||||||||||||||||  ||||||||||||||||||||||||   ||||||||
Db         42 ATGACCCGCGCTCCTCGTTGCCCCGCGGTGCGCTCTCTGCTGCGCAGCCGATACCGGGAG 101

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||   |||||||||||
Db        102 GTGTGGCCGCTGGCAACCTTTGTGCGGCGCCTGGGGCCCGAGGGCAGGCGGCTTGTGCAA 161

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
                 ||||||||      :::|||  ||||||||||||||||||||||:::     |||
Db        162 CCCGGGGACCCGAAGATCTACCGCACTTTGGTTGCCCAATGCCTAGTGTGCATGCACTGG 221

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
                 :::::||||||||||        ||||||  ||||||||   |||||||||||
Db        222 GGCTCACAGCCTCCACCTGCCGACCTTTCCTTCCACCAGGTGTCATCCCTGAAAGAGCTG 281

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              |||||||||||:::||||||||||||||||||          :::|||||||||||||||
Db        282 GTGGCCAGGGTTGTGCAGAGACTCTGCGAGCGCAACGAGAGAAACGTGCTGGCTTTTGGC 341

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              |||   ||||||:::   ||||||||||||||||     ||||||||:::||||||||
Db        342 TTTGAGCTGCTTAACGAGGCCAGAGGCGGGCCTCCCATGGCCTTCACTAGTAGCGTGCGT 401

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              |||||||||||||||||||       :::     ||||||   ||||||||||    ||||||
Db        402 AGCTACTTGCCCAACACTGTTATTGAGACCCTGCGTGTCAGTGGTGCATGGATGCTACTG 461

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              |||    |||||||||||:::||||||||||:::|||||||||   |||||||:::::: 
Db        462 TTGAGCCGAGTGGGCGACGACCTGCTGGTCTACCTGCTGGCACACTGTGCTCTTTATCTT 521

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||   ||||||||||||||
Db        522 CTGGTGCCCCCCAGCTGTGCCTAC------------------------------------ 545

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200

Db        545 ------------------------------------------------------------ 545

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220

Db        545 ------------------------------------------------------------ 545

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240

Db        545 ------------------------------------------------------------ 545

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
                                                  ||||||   |||
Db        546 ----------------------------------CAGGGGAGATGG------------ 557

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280

Db        557 ------------------------------------------------------------ 557

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300

Db        557 ------------------------------------------------------------ 557

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
                                       |||       |||
Db        558 --------------------CCAAGAGCGTCT------------------------ 569

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340

Db        569 ------------------------------------------------------------ 569

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
                 :::|||||||||||||||||||   |||:::|||:::||||||||||||||||||||||
Db        570 ---AAACCCTCATTCCTACTCAGCANCCTCCAGCCTAACTTGACTGGGGCCAGGAGACTG 626

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGly 367
              ||||||    |||||||||||
Db        627 GTGGAGATCATCTTTCTGGGC 647

RESULT 11
CF531121
LOCUS       CF531121              688 bp    mRNA    linear   EST 12-SEP-2003
DEFINITION  UI-M-FY0-cgp-m-21-0-UI.r1 NIH_BMAP_FY0 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:30355988 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CF531121
VERSION     CF531121.1  GI:34583085
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 688)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Dr. Jim Lin, University of Iowa
             cDNA Library preparation: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             cDNA Library Arrayed by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             DNA Sequencing by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             Clone Distribution: Distribution information can be found at
            http://genome.uiowa.edu/distribution/mousefl.html
             This clone was contributed by the Brain Molecular Anatomy Project
            (BMAP)
            Seq primer: pYX-5.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..688
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:30355988"
                     /tissue_type="whole brain"
                     /dev_stage="embryo 13.5,14.5,16.5,17.5dpc"
                     /lab_host="DH10B (T1 phage resistant)"
                     /clone_lib="NIH_BMAP_FY0"
                     /note="Organ: Brain; Vector: pYX- Asc; Site_1: EcoR I;
                     Site_2: Not I; The library was constructed according
                     Bonaldo, Lennon and Soares, Genome Research, 6:791-806,
                     1996. Denatured RNA was size fractionated on a 1% agarose
                     gel. First strand cDNA synthesis was primed with oligo-dT
```

```
              primer containing a Not I site. Double strand cDNA was
              size selected according to mRNA size fraction, ligated
              with EcoR I adaptor, digested with NotI and then cloned
              directionally into pYX-Asc vector. The library tag
              sequence located between the Not I site and the polyA tail
              is AGCGAGACAG. This library was created for the University
              Iowa Brain Anatomy Project (BMAP): 'Gene Discovery in the
              Developing Mouse Nervous System', supported by National
              Institute of Mental Health (NIMH), Hemin Chin, Ph.D.,
              program coordinator."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              3.45e-36      Length:          688
Score:                  666.50        Matches:         154
Percent Similarity:     46.34%        Conservative:    17
Best Local Similarity:  41.73%        Mismatches:      32
Query Match:            11.18%        Indels:          166
DB:                     7             Gaps:            2

US-10-044-692-2 (1-1132) x CF531121 (1-688)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              |||   |||||||||||||   ||||||||||||||||||||||    ||||||||
Db         79 ATGACCCGCGCTCCTCGTTGCCCCGCGGTGCGCTCTCTGCTGCGCAGCCGATACCGGGAG 138

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              |||   ||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||   |||||||||||
Db        139 GTGTGGCCGCTGGCAACCTTTGTGCGGCGCCTGGGGCCCGAGGGCAGGCGGCTTGTGCAA 198

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
                 |:|||||||      :::|||  ||||||||||||||||||||||:::    |||
Db        199 CCCGGGGACCCGAAGATCTACCGCACTTTGGTTGCCCAATGCCTAGTGTGCATGCACTGG 258

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
                 ::::::|||||||||||       ||||||   |||||||||   |||||||||||
Db        259 GGCTCACAGCCTCCACCTGCCGACCTTTCCTTCCACCAGGTGTCATCCCTGAAAGAGCTG 318

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||:::||||||||||||||||||||      :::||||||||||||||||
Db        319 GTGGCCAGGGTTGTGCAGAGACTCTGCGAGCGCAACGAGAGAAACGTGCTGGCTTTTGGC 378

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              |||   ||||||:::   |||||||||||||||||    ||||||||:::||||||||
Db        379 TTTGAGCTGCTTAACGAGGCCAGAGGCGGGCCTCCCATGGCCTTCACTAGTAGCGTGCGT 438

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||      :::  ||||||   |||||||||||   ||||||
Db        439 AGCTACTTGCCCAACACTGTTATTGAGACCCTGCGTGTCAGTGGTGCATGGATGCTACTG 498

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              |||   |||||||||||||:::|||||:::|||||||||    ||||||||::::::
Db        499 TTGAGCCGAGTGGGCGACGACCTGCTGGTCTACCTGCTGGCACACTGTGCTCTTTATCTT 558

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||   ||||||||||||||
Db        559 CTGGTGCCCCCCAGCTGTGCCTAC------------------------------------ 582

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200

Db        582 ------------------------------------------------------------ 582

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220

Db        582 ------------------------------------------------------------ 582

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240

Db        582 ------------------------------------------------------------ 582

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrp-AlaHisProGl 260
                                                    ||||||   |||
Db        583 ------------------------------------CAGGGGAGATGGCCAN-------- 598

Qy        260 yArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGl 280

Db        598 ------------------------------------------------------------ 598

Qy        280 uGluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGl 300

Db        598 ------------------------------------------------------------ 598

Qy        300 yArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPr 320

Db        598 ------------------------------------------------------------ 598

Qy        320 oCysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGl 340
                                                                   |||::
Db        599 -------------------------------------------------------GAGCG 603

Qy        340 nLeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLe 360
               :|||   |||||||||||||||||   |||:::|||:::||||||||||||||||||
Db        604 TCTAAACCCCTCATTCCTACTCAGCANCCTCCAGCCTAACTTGACTGGGGCCAGGAGACT 663

Qy        360 uValGluThrIlePheLeuGlySer 368
               |||||||   ||||||||||||||
Db        664 GGTGGAGATCATCTTTCTGGCTCA 688

RESULT 12
AA281296
LOCUS       AA281296                389 bp    mRNA    linear   EST 14-AUG-1997
DEFINITION  zt08g02.r1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:712562 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   AA281296
VERSION     AA281296.1  GI:1924194
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 389)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP),
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            This clone is available royalty-free through LLNL ; contact the
            IMAGE Consortium (info@image.llnl.gov) for further information.
            Insert Length: 2187   Std Error: 0.00
            Seq primer: -28m13 rev2 ET from Amersham
            High quality sequence stop: 385.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..389
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:712562"
                     /tissue_type="germinal center B cell"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_GCB1"
                     /note="Vector: pT7T3D-Pac (Pharmacia) with a modified
                     polylinker; Site_1: Not I; Site_2: Eco RI; 1st strand cDNA
                     was prepared from human tonsillar cells enriched for
                     germinal center B cells by flow sorting (CD20+, IgD-),
                     provided by Dr. Louis M. Staudt (NCI), Dr. David Allman
                     (NCI) and Dr. Gerald Marti (CBER).  cDNA synthesis was
                     primed with a Not I - oligo(dT) primer
                     [5'-TGTTACCAATCTGAAGTGGGAGCGGCCGCCTCATTTTTTTTTTTTTTTTTT-3'
                     ]. Double-stranded cDNA was ligated to Eco RI adaptors
                     (Pharmacia), digested with Not I and cloned into the Not I
                     and Eco RI sites of the modified pT7T3 vector. Library
                     went through one round of normalization, and was
                     constructed by Bento Soares and M. Fatima Bonaldo."
ORIGIN
```

```
Alignment Scores:
Pred. No.:              3.83e-35     Length:        389
Score:                  646.00       Matches:       127
Percent Similarity:     100.00%      Conservative:  2
Best Local Similarity:  98.45%       Mismatches:    0
Query Match:            10.84%       Indels:        0
DB:                     1            Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AA281296 (1-389)

Qy        542 AlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhePhe 561
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTT 60

Qy        562 TyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerValTrp 581
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 TATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGG 120

Qy        582 SerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGluLeu 601
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::::: 
Db        121 AGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGACGTG 180

Qy        602 SerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArgLeu 621
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 TCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTC 240

Qy        622 ArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValValGly 641
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 CGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGA 300

Qy        642 AlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAlaLeu 661
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 GCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTG 360

Qy        662 PheSerValLeuAsnTyrGluArgAla 670
              |||||||||||||||||||||||||||
Db        361 TTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCG 387
```

```
RESULT 13
BB618671
LOCUS       BB618671                 599 bp    mRNA    linear   EST 26-OCT-2001
DEFINITION  BB618671 RIKEN full-length enriched, 8 days embryo Mus musculus
            cDNA clone 5730412M20 5', mRNA sequence.
ACCESSION   BB618671
VERSION     BB618671.1  GI:16458173
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 599)
  AUTHORS   Arakawa,T., Carninci,P., Fukuda,S., Furuno,M., Hanagaki,T.,
            Hara,A., Hiramoto,K., Hori,F., Ishii,Y., Ito,M., Kawai,J.,
            Konno,H., Kouda,M., Koya,S., Matsuyama,T., Miyazaki,A., Nomura,K.,
            Ohno,M., Okazaki,Y., Okido,T., Saito,R., Sakai,C., Sakai,K.,
            Sano,H., Sasaki,D., Shibata,K., Shinagawa,A., Shiraki,T.,
            Sogabe,Y., Suzuki,H., Tagami,M., Tagawa,A., Takahashi,F.,
            Takeda,Y., Tanaka,T., Toya,T., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     RIKEN Mouse ESTs (Arakawa,T., et al. 2001)
  JOURNAL   Unpublished (2001)
COMMENT     Contact: Yoshihide Hayashizaki
            Laboratory for Genome Exploration Research Group, RIKEN Genomic
            Sciences Center(GSC), Yokohama Institute
            The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN)
            1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa 230-0045, Japan
            Tel: 81-45-503-9222
            Fax: 81-45-503-9216
            Email: genome-res@gsc.riken.jp, URL:http://genome.gsc.riken.jp/
            Carninci,P., Shibata,Y., Hayatsu,N., Sugahara,Y., Shibata,K.,
            Itoh,M., Konno,H., Okazaki,Y., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
             Normalization and subtraction of cap-trapper-selected cDNAs to
            prepare full-length cDNA libraries for rapid discovery of new
            genes. Genome Res. . 10 (10), 1617-1630 (2000)
             wagi,K., Fujiwake,S., Inoue,K., Togawa,Y., Izawa,M., Ohara,E.,
            Watahiki,M., Yoneda,Y., Ishikawa,T., Ozawa,K., Tanaka,T.,
            Matsuura,S., Kawai,J., Okazaki,Y., Muramatsu,M., Inoue,Y., Kira,A.
            and Hayashizaki,Y.
             RIKEN integrated sequence analysis (RISA) system--384-format
            sequencing pipeline with 384 multicapillary sequencer. Genome Res. .
            10 (11), 1757-1771 (2000)
             Konno,H., Fukunishi,Y., Shibata,K., Itoh,M., Carninci,P.,
            Sugahara,Y. and Hayashizaki,Y.
             Computer-based methods for the mouse full-length cDNA
            encyclopedia: real-time sequence clustering for construction of a
            nonredundant cDNA library. Genome Res. . 11 (2), 281-289 (2001)
             Kondo,S., Shinagawa,A., Saito,T., Kiyosawa,H., Yamanaka,I.,
            Aizawa,K., Fukuda,S., Hara,A., Itoh,M., Kawai,J., Shibata,K. and
            Hayashizaki,Y.
             Computational Analysis of Full-Length Mouse cDNAs Compared with
            Human Genome Sequences. Mamm. Genome. 12, 673-677 (2001)
             Please visit our web site (http://genome.gsc.riken.go.jp) for
            further details.
             e mouse tissues.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..599
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="5730412M20"
                     /sex="mixed"
                     /dev_stage="8 days embryo"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="RIKEN full-length enriched, 8 days embryo"
                     /note="Site_1: SalI; Site_2: BamHI; cDNA library was
                     prepared and sequenced in Mouse Genome Encyclopedia
                     Project of Genome Exploration Research Group in Riken
                     Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in
                     RIKEN. Division of Experimental Animal Research in Riken
                     contributed to prepare mouse tissues. 1st strand cDNA was
                     primed with a primer [5'
                     GAGAGAGAGAAGGATCCAAGAGCTCTTTTTTTTTTTTTTTTVN 3'], cDNA was
                     prepared by using trehalose thermo-activated reverse
                     transcriptase and subsequently enriched for full-length by
                     cap-trapper. cDNA went through one round of subtraction to
                     Rot = 100.0 Second strand cDNA was prepared with the
                     primer adapter of sequence [5'
                     GAGAGAGAGATTCTCGAGTTAATTAAATTAATCCCCCCCCCCCC 3']. cDNA
                     was cloned into the XhoI and BamHI sites. Vector: a
                     modified pBluescript KS(+) after bulk excision from Lambda
                     FLC I. Cloning sites, 5' end: SalI; 3' end: BamHI."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.35e-32     Length:        599
Score:                  610.00       Matches:       121
Percent Similarity:     83.85%       Conservative:  14
Best Local Similarity:  75.16%       Mismatches:    26
Query Match:            10.23%       Indels:        0
DB:                     2            Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BB618671 (1-599)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              |||   ||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||   ||||||||| 
Db        115 ATGACCCGCGCTCCTCGTTGCCCCGCGGTGCGCTCTCTGCTGCGCAGCCGATACCGGGAG 174

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              |||   |||||||||||||||||||||||||||||:::|||   ||||||||||||
Db        175 GTGTGGCCGCTGGCAACCTTTGTGCGGCGCCTGGGGCCCGAGGGCAGGCGGCTTGTGCAA 234

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
                |||||||||      :::|||   ||||||||||||||||||||||:::    |||
Db        235 CCCGGGGACCCGAAGATCTACCGCACTTTGGTTGCCCAATGCCTAGTGTGCATGCACTGG 294

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
```

```
                 ::::::|||||||||||      ||||||   |||||||||   ||||||||||||
Db        295 GGCTCACAGCCTCCACCTGCCGACCTTTCCTTCCACCAGGTGTCATCCCTGAAAGAGCTG 354

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              |||||||||||:::||||||||||||||||||      :::||||||||||||||||||
Db        355 GTGGCCAGGGTTGTGCAGAGACTCTGCGAGCGCAACGAGAGAAACGTGCTGGCTTTTGGC 414

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              |||  ||||||:::   ||||||||||||||||   |||||||||:::||||||||
Db        415 TTTGAGCTGCTTAACGAGGCCAGAGGCGGGCCTCCCATGGCCTTCACTAGTAGCGTGCGT 474

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||    :::   ||||||   |||||||||||   ||||||
Db        475 AGCTACTTGCCCAACACTGTTATTGAGACCCTGCGTGTCAGTGGTGCATGGATGCTACTG 534

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              |||   ||||||||||||||:::||||||:::|||||||||   |||||||||::::::
Db        535 TTGAGCCGAGTGGGCGACGACCTGCTGGTCTACCTGCTGGCACACTGTGCTCTTTATCTT 594

Qy        161 Leu 161
              |||
Db        595 CTG 597
```

```
RESULT 14
CN274427
LOCUS       CN274427                 409 bp    mRNA    linear   EST 16-MAY-2004
DEFINITION  17000531326763 GRN_ES Homo sapiens cDNA 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CN274427
VERSION     CN274427.1  GI:47290841
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 409)
  AUTHORS   Brandenberger,R., Wei,H., Zhang,S., Lei,S., Murage,J., Fisk,G.J.,
            Li,Y., Xu,C., Fang,R., Guegler,K., Rao,M.S., Mandalam,R.,
            Lebkowski,J and Stanton,L.W.
  TITLE     Transcriptome characterization elucidates signaling networks that
            control human ES cell growth and differentiation
  JOURNAL   Nat. Biotechnol. 22 (6), 707-716 (2004)
COMMENT     Contact: Brandenberger R
            Regenerative Medicine
            Geron Corporation
            230 Constitution Drive, Menlo Park, CA 94025, USA
            Tel: 650 473 8658
            Fax: 650 473 7760
            Email: rbrandenberger@geron.com
            Insert Length: 409   Std Error: 0.00.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..409
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /tissue_type="embryonic stem cells, cell lines H1, H7, and
                     H9"
                     /clone_lib="GRN_ES"
                     /note="oligo dT primed, full-length enriched cDNA library
                     from undifferentiated hES cell lines H1 (p32), H7 (p29),
                     and H9 (p26) maintained in feeder-free conditions"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              1.28e-29      Length:         409
Score:                  567.00        Matches:        108
Percent Similarity:     99.08%        Conservative:   0
Best Local Similarity:  99.08%        Mismatches:     1
Query Match:            9.51%         Indels:         0
DB:                     7             Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x CN274427 (1-409)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         82 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 141

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        142 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 201

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        202 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 261

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        262 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 321

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        322 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCAGC 381

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGly 109
              |||||||||||||||||||||||||||
Db        382 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGG 408
```

```
RESULT 15
BE371943
LOCUS       BE371943                 866 bp    mRNA    linear   EST 21-JUL-2000
DEFINITION  601217728F1 NCI_CGAP_Lu29 Mus musculus cDNA clone IMAGE:3586614 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   BE371943
VERSION     BE371943.1  GI:9317215
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 866)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Gilbert Smith, Ph.D.
             cDNA Library Preparation: Life Technologies, Inc.
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Incyte Genomics, Inc.
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
            Plate: LLAM8748  row: h  column: 07
            High quality sequence stop: 639.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..866
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="CZECH II"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:3586614"
                     /tissue_type="spontaneous tumor, metastatic to mammary.
                     Stem cell origin."
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_Lu29"
                     /note="Organ: lung; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1: SalI;
                     Site_2: NotI; Cloned unidirectionally.  Primer: Oligo dT.
                     Library constructed by Life Technologies. Investigator
                     providing samples: Gilbert Smith, NIH"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              4.72e-29      Length:         866
Score:                  566.00        Matches:        108
Percent Similarity:     82.31%        Conservative:   13
Best Local Similarity:  73.47%        Mismatches:     26
Query Match:            9.50%         Indels:         0
```

```
DB:                    2            Gaps:        0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BE371943 (1-866)

Qy        805 LeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIleArgGlyLysSer 824
              |||||||||    ||||||   |||:::   |||       |||:::|||       :::
Db          4 CTGTTTGACTTCTTCCTGCACTTCCTGCGTCACAGTGTCGTAAAGATTGGTGACAGGTGC 63

Qy        825 TyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeuLeuCysSerLeu 844
              |||   ||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||
Db         64 TATACGCAGTGCCAGGGCATCCCCAAGGCTCCAGCCTATCCACCCTGCTCTGCAGTCTG 123

Qy        845 CysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAspGlyLeuLeuLeu 864
              |||:::||||||||||||||||||||||||||||      :::::::::||||||||||||||
Db        124 TGTTTCGGAGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCTGAGGTGCAGCAGGATGGGTTGCTTTTA 183

Qy        865 ArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAlaLysThrPheLeu 884
              |||   ||||||||||||||||||||||||||||||||         |||||||||||||||
Db        184 CGTTTTGTTGATGACTTTCTGTTGGTGACGCCTCACTTGGACCAAGCAAAAACCTTCCTC 243

Qy        885 ArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeuArgLysThrVal 904
                 |||||||||    ||||||||||||||||||||:::::||||||:::|||||||||
Db        244 AGCACCCTGGTCCATGGCGTTCCTGAGTATGGATGCATGATAAACTTGCAGAAGACAGTG 303

Qy        905 ValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheValGlnMetProAla 924
              ||||||||||||||||||       ||||||||||||   |||      |||:::||||||
Db        304 GTGAACTTCCCTGTGGAGCCTGGTGCCCTGGGTGGTGCAGCTCCATACCAGCTGCCTGCT 363

Qy        925 HisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeuGluValGlnSer 944
              |||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||
Db        364 CACTGCCTGTTTCCCTGGTGTGGTTTGCTGCTGGACACTCAGACTTTGGAGGTGTTCTGT 423

Qy        945 AspTyrSerSerTyrAlaArg 951
              |||||||||      |||:::
Db        424 GACTACTCAGGGTAAGCACAG 444

Search completed: October 28, 2004, 15:17:31
Job time : 7866 secs
```

```
OM protein - nucleic search, using frame_plus_p2n model

Run on:         October 28, 2004, 10:30:52 ; Search time 7841 Seconds
                                          (without alignments)
                                          5260.780 Million cell updates/sec

Title:          US-10-044-692-2
Perfect score:  5961
Sequence:       1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYRE..........TALEAAANPALPSDFKTILD 1132

Scoring table:  BLOSUM62
                Xgapop 10.0 , Xgapext  0.5
                Ygapop 10.0 , Ygapext  0.5
                Fgapop  6.0 , Fgapext  7.0
                Delop   6.0 , Delext   7.0

Searched:       32822875 seqs, 18219865908 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      65645750

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Command line parameters:
-MODEL=frame+_p2n.model -DEV=xlh
-Q=/cgn2_1/USPTO_spool/US10044692/runat_28102004_113043_5483/app_query.fasta_1.1287
-DB=EST -QFMT=fastap -SUFFIX=rst -MINMATCH=0.1 -LOOPCL=0 -LOOPEXT=0
-UNITS=bits -START=1 -END=-1 -MATRIX=blosum62 -TRANS=human40.cdi -LIST=45
-DOCALIGN=200 -THR_SCORE=pct -THR_MAX=100 -THR_MIN=0 -ALIGN=50 -MODE=LOCAL
-OUTFMT=pto -NORM=ext -HEAPSIZE=500 -MINLEN=0 -MAXLEN=2000000000
-USER=US10044692_@CGN_1_1_4804_@runat_28102004_113043_5483 -NCPU=6 -ICPU=3
-NO_MMAP -LARGEQUERY -NEG_SCORES=0 -WAIT -DSPBLOCK=100 -LONGLOG
-DEV_TIMEOUT=120 -WARN_TIMEOUT=30 -THREADS=1 -XGAPOP=10 -XGAPEXT=0.5 -FGAPOP=6
-FGAPEXT=7 -YGAPOP=10 -YGAPEXT=0.5 -DELOP=6 -DELEXT=7

Database :      EST:*
                1:  gb_est1:*
                2:  gb_est2:*
                3:  gb_htc:*
                4:  gb_est3:*
                5:  gb_est4:*
                6:  gb_est5:*
                7:  gb_est6:*
                8:  gb_gss1:*
                9:  gb_gss2:*

     Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
     score greater than or equal to the score of the result being printed,
     and is derived by analysis of the total score distribution.
```

SUMMARIES

Result No.	Score	% Query Match	Length	DB	ID	Description
1	2645	44.4	1826	9	AY407349	AY407349 Homo sapi
2	2168	36.4	1584	9	AY407350	AY407350 Pan trogl
3	1805	30.3	1835	9	AY407351	AY407351 Mus muscu
4	1406	23.6	925	4	BM453198	BM453198 AGENCOURT
5	1028	17.2	851	5	BU702370	BU702370 UI-M-FI0-
6	875	14.7	851	4	BG917907	BG917907 602820830
7	776	13.0	492	4	BM824748	BM824748 K-EST0096
8	771.5	12.9	664	5	BQ258274	BQ258274 NISC_kp11
9	682	11.4	1424	3	CR688161	CR688161 Tetraodon
10	667.5	11.2	649	7	CF531069	CF531069 UI-M-FY0-
11	666.5	11.2	688	7	CF531121	CF531121 UI-M-FY0-
12	646	10.8	389	1	AA281296	AA281296 zt08g02.r
13	610	10.2	599	2	BB618671	BB618671 BB618671
14	567	9.5	409	7	CN274427	CN274427 170005313
15	566	9.5	866	2	BE371943	BE371943 601217728
16	554	9.3	614	2	BB651920	BB651920 BB651920
17	517	8.7	775	4	BI388013	BI388013 BFL26_002
18	515	8.6	753	5	BU452535	BU452535 603767927
19	484.5	8.1	846	7	CN505902	CN505902 AGENCOURT
20	481.5	8.1	880	5	BU377259	BU377259 603811228
21	463	7.8	668	6	CA380121	CA380121 659344 NC
22	457	7.7	724	5	BX889962	BX889962 BX889962
23	449.5	7.5	632	6	CA353864	CA353864 625469 NC
24	443.5	7.4	715	2	BE396925	BE396925 601290610
25	437	7.3	703	5	BX886589	BX886589 BX886589
26	436	7.3	344	7	CF531258	CF531258 UI-M-FY0-
27	425	7.1	409	1	AA311750	AA311750 EST182469
28	425	7.1	679	2	BE396606	BE396606 601289077
29	424	7.1	835	5	BU111946	BU111946 603127372
30	422	7.1	649	2	BE514070	BE514070 601316575
31	411	6.9	610	2	BE514188	BE514188 601316376
32	395.5	6.6	696	5	BU139751	BU139751 603134527
33	387	6.5	343	6	BY783093	BY783093 BY783093
34	384	6.4	338	6	BY784804	BY784804 BY784804
35	380	6.4	336	6	BY775178	BY775178 BY775178
c 36	377	6.3	347	2	AW244516	AW244516 BR_END06B
37	374	6.3	326	5	BY149368	BY149368 BY149368
38	373	6.3	641	8	AZ972318	AZ972318 2M0246F07
39	366	6.1	619	7	CK392784	CK392784 K0850A03-
40	357.5	6.0	779	2	BE268183	BE268183 601125261
41	348.5	5.8	875	5	BU122597	BU122597 603148441
42	348.5	5.8	930	7	CO014076	CO014076 EST802411
c 43	344	5.3	983	7	CO028055	CO028055 EST806439
c 44	307	5.2	1023	7	CO024489	CO024489 EST802873
45	291.5	4.9	774	7	CF547484	CF547484 AGENCOURT

ALIGNMENTS

```
RESULT 1
AY407349
LOCUS       AY407349                1826 bp    DNA     linear   GSS 15-DEC-2003
DEFINITION  Homo sapiens TERT gene, VIRTUAL TRANSCRIPT, partial sequence,
            genomic survey sequence.
ACCESSION   AY407349
VERSION     AY407349.1  GI:39763320
KEYWORDS    GSS.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1826)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Inferring nonneutral evolution from human-chimp-mouse orthologous
            gene trios
  JOURNAL   Science 302 (5652), 1960-1963 (2003)
   PUBMED   14671302
REFERENCE   2  (bases 1 to 1826)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (16-NOV-2003) Celera Genomics, 45 West Gude Drive,
            Rockville, MD 20850, USA
COMMENT     This sequence was made by sequencing genomic exons and ordering
            them based on alignment.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..1826
```

```
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
     gene            <1..>1826
                     /gene="TERT"
                     /locus_tag="HCM2861"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              4.89e-173      Length:        1826
Score:                  2645.00        Matches:       526
Percent Similarity:     86.66%         Conservative:  0
Best Local Similarity:  86.66%         Mismatches:    81
Query Match:            44.37%         Indels:        0
DB:                     9              Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AY407349 (1-1826)

Qy        526 ValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIleLeuAlaLysPheLeu 545
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3 GTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCCTG 62

Qy        546 HisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhePheTyrValThrGlu 565
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         63 CACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGGAG 122

Qy        566 ThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerValTrpSerLysLeuGln 585
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        123 ACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGCAA 182

Qy        586 SerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGluLeuSerGluAlaGlu 605
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        183 AGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGCAGAG 242

Qy        606 ValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArgLeuArgPheIlePro 625
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        243 GTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCGCTTCATCCCC 302

Qy        626 LysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValValGlyAlaArgThrPhe 645
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        303 AAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGCCAGAACGTTC 362

Qy        646 ArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAlaLeuPheSerValLeu 665
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        363 CGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTTCAGCGTGCTC 422

Qy        666 AsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerValLeuGlyLeuAspAsp 685
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        423 AACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGGCCTGGACGAT 482

Qy        686 IleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGlnAspProProProGlu 705
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        483 ATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCCGCCGCCTGAG 542

Qy        706 LeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIleProGlnAspArgLeu 725
              |||||||||||||||
Db        543 CTGTACTTTGTCAAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 602

Qy        726 ThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCysValArgArgTyrAla 745

Db        603 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 662

Qy        746 ValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLysSerHisValSerThr 765
                                                                 |||||||||
Db        663 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTCTCTACC 722

Qy        766 LeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeuGlnGluThrSerPro 785
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        723 TTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGAGACCAGCCCG 782

Qy        786 LeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGluAlaSerSerGlyLeu 805
              |||||||||||||||||||||||||||
Db        783 CTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 842

Qy        806 PheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIleArgGlyLysSerTyr 825
                                                                   |||||||
Db        843 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTCCTAC 902

Qy        826 ValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeuLeuCysSerLeuCys 845
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        903 GTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTGCAGCCTGTGC 962

Qy        846 TyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAspGlyLeuLeuLeuArg 865
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        963 TACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTGCTCCTGCGT 1022

Qy        866 LeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAlaLysThrPheLeuArg 885
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1023 TTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAACCTTCCTCAGG 1082

Qy        886 ThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeuArgLysThrValVal 905
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1083 ACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAGTGGTG 1142

Qy        906 AsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheValGlnMetProAlaHis 925
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1143 AACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGCCGGCCCAC 1202

Qy        926 GlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeuGluValGlnSerAsp 945
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1203 GGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGCGAC 1262

Qy        946 TyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPheAsnArgGlyPheLys 965
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1263 TACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTCAAG 1322

Qy        966 AlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeuLysCysHisSerLeu 985
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1323 GCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGCCTG 1382

Qy        986 PheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsnIleTyrLysIleLeu 1005
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1383 TTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATCCTC 1442

Qy       1006 LeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuProPheHisGlnGlnVal 1025
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1443 CTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAAGTT 1502

Qy       1026 TrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAlaSerLeuCysTyrSer 1045
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1503 TGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTACTCC 1562

Qy       1046 IleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGlyAlaAlaGlyProLeu 1065
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1563 ATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGCCGGCCCTCTG 1622

Qy       1066 ProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeuLysLeuThrArgHis 1085
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1623 CCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCTGACTCGACAC 1682

Qy       1086 ArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGlnThrGlnLeuSerArg 1105
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1683 CGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCAGCTGAGTCGG 1742

Qy       1106 LysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsnProAlaLeuProSer 1125
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1743 AAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGCACTGCCCTCA 1802

Qy       1126 AspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              |||||||||||||||||||||
Db       1803 GACTTCAAGACCATCCTGGAC 1823

RESULT 2
AY407350
LOCUS       AY407350                1584 bp    DNA     linear   GSS 15-DEC-2003
DEFINITION  Pan troglodytes TERT gene, VIRTUAL TRANSCRIPT, partial sequence,
```

```
              genomic survey sequence.
ACCESSION     AY407350
VERSION       AY407350.1  GI:39763321
KEYWORDS      GSS.
SOURCE        Pan troglodytes (chimpanzee)
  ORGANISM    Pan troglodytes
              Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
              Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Pan.
REFERENCE     1  (bases 1 to 1584)
  AUTHORS     Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
              Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
              Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
              Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE       Inferring nonneutral evolution from human-chimp-mouse orthologous
              gene trios
  JOURNAL     Science 302 (5652), 1960-1963 (2003)
   PUBMED     14671302
REFERENCE     2  (bases 1 to 1584)
  AUTHORS     Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
              Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
              Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
              Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE       Direct Submission
  JOURNAL     Submitted (16-NOV-2003) Celera Genomics, 45 West Gude Drive,
              Rockville, MD 20850, USA
COMMENT       This sequence was made by sequencing genomic exons and ordering
              them based on alignment.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..1584
                     /organism="Pan troglodytes"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:9598"
     gene            <1..>1584
                     /gene="TERT"
                     /locus_tag="HCM2861"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              5.54e-140      Length:         1584
Score:                  2168.00        Matches:        432
Percent Similarity:     82.73%         Conservative:   4
Best Local Similarity:  81.97%         Mismatches:     91
Query Match:            36.37%         Indels:         0
DB:                     9              Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AY407350 (1-1584)

Qy        526 ValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIleLeuAlaLysPheLeu 545
              |||||    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3 GTTGGCTCTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCTTG 62

Qy        546 HisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhePheTyrValThrGlu 565
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         63 CACTGGCTGATGAGTGTGTACGTTGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGGAG 122

Qy        566 ThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerValTrpSerLysLeuGln 585
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        123 ACCACGTTTCAGAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGCAA 182

Qy        586 SerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGluLeuSerGluAlaGlu 605
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        183 AGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGCAGAG 242

Qy        606 ValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArgLeuArgPheIlePro 625
              ||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        243 GTCAGGCAGCATCAGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCGCTTCATCCCC 302

Qy        626 LysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValValGlyAlaArgThrPhe 645
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        303 AAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGCCAGAACGTTC 362

Qy        646 ArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAlaLeuPheSerValLeu 665
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        363 CGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTTCAGCGTGCTC 422

Qy        666 AsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerValLeuGlyLeuAspAsp 685
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        423 ANNNACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGGCCTGGACGAT 482

Qy        686 IleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGlnAspProProProGlu 705
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        483 ATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCCGCCGCCTGAG 542

Qy        706 LeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIleProGlnAspArgLeu 725
              |||||||||||||||
Db        543 CTGTACTTTGTCAAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 602

Qy        726 ThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCysValArgArgTyrAla 745

Db        603 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 662

Qy        746 ValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLysSerHisValSerThr 765
                                                                  ||||||||
Db        663 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTCTCTACC 722

Qy        766 LeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeuGlnGluThrSerPro 785
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        723 TTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGAGACCAGCCCA 782

Qy        786 LeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGluAlaSerSerGlyLeu 805
              ||||||||||||||:::|||||||||
Db        783 CTGAGGGATGCCGTCATCATCGAGCAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 842

Qy        806 PheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIleArgGlyLysSerTyr 825
                                                                     ||||||
Db        843 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTCCTAC 902

Qy        826 ValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeuLeuCysSerLeuCys 845
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        903 GTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTGTCCACGCTGCTCTGCAGCCTGTGC 962

Qy        846 TyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAspGlyLeuLeuLeuArg 865
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        963 TACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTGCTCCTGCGT 1022

Qy        866 LeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAlaLysThrPheLeuArg 885
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||    ||||||
Db       1023 TTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAGCCTTCCTCANG 1082

Qy        886 ThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeuArgLysThrValVal 905
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1083 ACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAGTAGTG 1142

Qy        906 AsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheValGlnMetProAlaHis 925
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||
Db       1143 AACTTCCCTGTAGAAGATGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGCTGCCGGCCCAC 1202

Qy        926 GlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeuGluValGlnSerAsp 945
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1203 GGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGACACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGCGAC 1262

Qy        946 TyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPheAsnArgGlyPheLys 965
              ||||||||||||||||||||||||||         ||||||||||||||||||||||||
Db       1263 TACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCNNNNCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTCAAG 1322

Qy        966 AlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeuLysCysHisSerLeu 985
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1323 GCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGCCTG 1382

Qy        986 PheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsnIleTyrLysIleLeu 1005
              ||||||||||||||    ||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||
Db       1383 TTTCTGGATTTGCAGNTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAANNTCCTC 1442

Qy       1006 LeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuProPheHisGlnGlnVal 1025
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1443 CTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAAGTT 1502
```

```
Qy       1026 TrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAlaSerLeuCysTyrSer 1045

Db       1503 TGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCATCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTACTCC 1562

Qy       1046 IleLeuLysAlaLysAsnAla 1052

Db       1563 ATCCTGAAAGCCAAGAACGCA 1583

RESULT 3
AY407351
LOCUS       AY407351                1835 bp    DNA     linear   GSS 15-DEC-2003
DEFINITION  Mus musculus TERT gene, VIRTUAL TRANSCRIPT, partial sequence,
            genomic survey sequence.
ACCESSION   AY407351
VERSION     AY407351.1  GI:39763322
KEYWORDS    GSS.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1835)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Inferring nonneutral evolution from human-chimp-mouse orthologous
            gene trios
  JOURNAL   Science 302 (5652), 1960-1963 (2003)
   PUBMED   14671302
REFERENCE   2  (bases 1 to 1835)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (16-NOV-2003) Celera Genomics, 45 West Gude Drive,
            Rockville, MD 20850, USA
COMMENT     This sequence was made by sequencing genomic exons and ordering
            them based on alignment.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..1835
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:10090"
     gene            <1..>1835
                     /gene="TERT"
                     /locus_tag="HCM2861"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              1.17e-114     Length:        1835
Score:                  1805.00       Matches:       373
Percent Similarity:     69.56%        Conservative:  52
Best Local Similarity:  61.05%        Mismatches:    176
Query Match:            30.28%        Indels:        11
DB:                     9             Gaps:          3

US-10-044-692-2 (1-1132) x AY407351 (1-1835)

Qy        529 ValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIleLeuAlaLysPheLeuHisTrpLeu 548

Db         12 GTCCCCGCTGCAGAGCACCGTCTGAGGGAGAGGATCCTGGCTACGTTCCTGTTCTGGCTG 71

Qy        549 MetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhePheTyrValThrGluThrThrPhe 568

Db         72 ATGGACACATACGTGGTACAGCTGCTTAGGTCATTCTTTTACATCACAGAGAGCACATTC 131

Qy        569 GlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerValTrpSerLysLeuGlnSerIleGly 588

Db        132 CAGAAGAACAGGCTCTTCTTCTACCGTAAGAGTGTGTGGAGCAAGCTGCAGAGCATTGGA 191

Qy        589 IleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGluLeuSerGluAlaGluValArgGln 608

Db        192 GTCAGGCAACACCTTGAGAGAGTGCGGCTACGGGAGCTGTCACAAGAGGAGGTCAGGCAT 251

Qy        609 HisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArgLeuArgPheIleProLysProAsp 628

Db        252 CACCAGGACACCTGGCTAGCCATGCCCATCTGCAGACTGCGCTTCATCCCCAAGCCCAAC 311

Qy        629 GlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValValGlyAlaArgThrPheArgArgGlu 648

Db        312 GGCCTGCGGCCCATTGTGAACATGAGTTATAGCATGGGTACCAGAGCTTTGGGCAGAAGG 371

Qy        649 Lys-ArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAlaLeuPheSerValLeuAsnTyrGl 668

Db        372 AAGCAGGGCCCAGCATTTCACCCAGCGTCTCAAGACTCTCTTCAGCATGCTCAACTATGA 431

Qy        668 uArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerValLeuGlyLeuAspAspIleHisAr 688

Db        432 GCGGACAAAACATCCTCACCTTATGGGGTCTTCTGTACTGGGTATGAATGACATCTACAG 491

Qy        688 gAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGlnAspProProProGluLeuTyrPh 708

Db        492 GACCTGGCGGGCCTTTGTGCTGCGTGTGCGTGCTCTGGACCAGACACCCAGGATGTACTT 551

Qy        708 eValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIleProGlnAspArgLeuThrGluVa 728

Db        552 TGTTAAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 611

Qy        728 lIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCysValArgArgTyrAlaValValGl 748

Db        612 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 671

Qy        748 nLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLysSerHisValSerThrLeuThrAs 768

Db        672 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTCACCACCCTCTCTGA 731

Qy        768 pLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeuGlnGluThr------SerProLe 786

Db        732 CCTCCAGCCATACATGGGCCAGTTCCTTAAGCATCTGCAGGATTCAGATGCCAGTGCACT 791

Qy        786 uArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGluAlaSerSerGlyLeuPh 806

Db        792 GAGGAACTCCGTTGTCATCGAGCAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 851

Qy        806 eAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIleArgGlyLysSerTyrVa 826

Db        852 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTGCTATAC 911

Qy        826 lGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeuLeuCysSerLeuCysTy 846

Db        912 GCAGTGCCAGGGCATCCCCCAGGGCTCCAGCCTATCCACCCTGCTCTGCAGTCTGTGTTT 971

Qy        846 rGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAspGlyLeuLeuLeuArgLe 866

Db        972 CGGAGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCTGAGGTGCAGCGGGATGGGTTGCTTTTACGTTT 1031

Qy        866 uValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAlaLysThrPheLeuArgTh 886

Db       1032 TGTTGATGACTTTCTGTTGGTGACGCCTCACTTGGACCAAGCAAAAACCTTCCTCAGCAC 1091

Qy        886 rLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeuArgLysThrValValAs 906

Db       1092 CCTGGTCCATGGCGTTCCTGAGTATGGGTGCATGATAAACTTGCAGAAGACAGTGGTGAA 1151

Qy        906 nPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheValGlnMetProAlaHisGl 926

Db       1152 CTTCCCTGTGGAGCCTGGTACCCTGGGTGGTGCAGCTCCATACCAGCTGCCTGCTCACTG 1211

Qy        926 yLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeuGluValGlnSerAspTy 946

Db       1212 CCTGTTTCCCTGGTGTGGCTTGCTGCTGGACACTCAGACTTTGGAGGTGTTCTGTGACTA 1271

Qy        946 rSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPheAsnArgGlyPheLysAl 966
```

```
Db       1272 CTCAGGTTATGCCCAGACCTCAATTAAGACGAGCCTCACCTTCCAGAGTGTCTTCAAAGC 1331

Qy        966 aGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeuLysCysHisSerLeuPh 986
              ||||:::  ||||||  ||||||      |||||||||||||||||||  |||||
Db       1332 TGGGAAGACCATGCGGAACAAGCTCCTGTCGGTCTTGCGGTTGAAGTGTCACGGTCTATT 1391

Qy        986 eLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsnIleTyrLysIleLeuLe 1006
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||||||||||||||   ||
Db       1392 TCTAGACTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACAGTCTGCATCAATATATACAAGATCTTCCT 1451

Qy       1006 uLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuProPheHisGlnGlnValTr 1026
              |||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||  |||:::|||
Db       1452 GCTTCAGGCCTACAGGTTCCATGCATGTGTGATTCAGCTTCCCTTTGACCAGCGTGTTAG 1511

Qy       1026 pLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAlaSerLeuCysTyrSerIl 1046
               ||||||  ||||||||||||   :::||||||      ||||||   ||||||:::||
Db       1512 GAAGAACCTCACATTCTTTCTGGGCATCATCTCCAGCCAAGCATCCTGCTGCTATGCTAT 1571

Qy       1046 eLeuLysAlaLysAsnAla-----------GlyMetSerLeuGlyAlaLysGlyAlaAl 1062
              ||||||  ||||||               ||||||:::|||  |||  |||:::
Db       1572 CCTGAAGGTCAAGAATCC-AGTGATCCCCCAGGAATGACACTAAAGGCCTCTGGCTCC-- 1628

Qy       1062 aGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeuLysLe 1082
                        |||  ||||||    ||||||||:::||||||||||||||||||
Db       1629 -------TTTCCTCCTGAAGCCGCACATTGGCTCTGCTACCAGGCCTTCCTGCTCAAGCT 1681

Qy       1082 uThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGlnThrGl 1102
              |      |||  |||  |||     ||||||||  ||||||||||||||
Db       1682 GGCTGCTCATTCTGTCATCTACAAATGTCTCCTGGGACCTCTGAGGACAGCCCAAAAACT 1741

Qy       1102 nLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsnProAl 1122
               |||  ||||||||||||    |||:::|||  |||:::||||||||:::|||||
Db       1742 GCTGTGCCGGAAGCTCCCAGAGGCGACAATGACCATCCTTAAAGCTGCAGCTGACCCAGC 1801

Qy       1122 aLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||   :::||||||:::||||||||||
Db       1802 CCTAAGCACAGACTTTCAGACCATTTTGGAC 1832
```

RESULT 4
BM453198

```
LOCUS       BM453198                 925 bp    mRNA    linear   EST 05-FEB-2002
DEFINITION  AGENCOURT_6387556 NIH_MGC_71 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5529840
            5', mRNA sequence.
ACCESSION   BM453198
VERSION     BM453198.1  GI:18502238
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 925)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: ATCC
             cDNA Library Preparation: Life Technologies, Inc.
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Agencourt Bioscience Corporation
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
            Plate: LLAM12208  row: p  column: 01
            High quality sequence stop: 646.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..925
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:5529840"
                     /tissue_type="leiomyosarcoma"
                     /lab_host="DH10B (phage-resistant)"
                     /clone_lib="NIH_MGC_71"
                     /note="Organ: uterus; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1: NotI;
                     Site_2: SalI; Cloned unidirectionally.  Primer: Oligo dT.
                     Average insert size 2.1 kb.  "
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.2e-87         Length:         925
Score:                  1406.00         Matches:        274
Percent Similarity:     98.92%          Conservative:   0
Best Local Similarity:  98.92%          Mismatches:     1
Query Match:            23.59%          Indels:         2
DB:                     4               Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BM453198 (1-925)

Qy        699 AlaGlnAspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAsp 718
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3 GCCCAGGACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGAC 62

Qy        719 ThrIleProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThr 738
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         63 ACCATTCCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACG 122

Qy        739 TyrCysValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAla 758
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        123 TACTGCGTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCC 182

Qy        759 PheLysSerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAla 778
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        183 TTCAAGAGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCT 242

Qy        779 HisLeuGlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeu 798
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        243 CACCTGCAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTG 302

Qy        799 AsnGluAlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaVal 818
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        303 AATGAGGCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTG 362

Qy        819 ArgIleArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSer 838
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        363 CGCATCAGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCC 422

Qy        839 ThrLeuLeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArg 858
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        423 ACGCTGCTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGG 482

Qy        859 ArgAspGlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThr 878
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        483 CGGGACGGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACC 542

Qy        879 HisAlaLysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValVal 898
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        543 CACGCGAAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTG 602

Qy        899 AsnLeuArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAla 918
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        603 AACTTGCGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCT 662

Qy        919 PheValGlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArg 938
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        663 TTTGTTCAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGG 722

Qy        939 ThrLeuGluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeu 958
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        723 ACCCTGGAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTC 782

Qy        959 ThrPheAsnArgGlyPheLysAla--GlyArgAsnMetArgArgLys 973
              ||||||||||||||||||||||    |||||||||||||||||||
Db        783 ACCTTCAACCGCGGCTTCAAAGGCTGGGAAGGAACATGCGTCGCAAA 829
```

RESULT 5

```
BU702370
LOCUS       BU702370                851 bp    mRNA    linear   EST 15-JUL-2003
DEFINITION  UI-M-FI0-byx-f-12-0-UI.r1 NIH_BMAP_FI0 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:6400523 5', mRNA sequence.
ACCESSION   BU702370
VERSION     BU702370.1  GI:23627105
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 851)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Dr. Jim Lin, University of Iowa
             cDNA Library preparation: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             cDNA Library Arrayed by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             DNA Sequencing by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             Clone Distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
             This clone was contributed by the Brain Molecular Anatomy Project
            (BMAP)
            Seq primer: pYX-5.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .851
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:6400523"
                     /tissue_type="whole brain"
                     /dev_stage="embryo 12.5dpc"
                     /lab_host="DH10B (T1 phage resistant)"
                     /clone_lib="NIH_BMAP_FI0"
                     /note="Organ: Brain; Vector: pYX- Asc; Site_1: EcoR I;
                     Site_2: Not I; The library was constructed according
                     Bonaldo, Lennon and Soares, Genome Research, 6:791-806,
                     1996. Denatured RNA was size fractionated on a 1% agarose
                     gel.First strand cDNA synthesis was primed with oligo-dT
                     primer containing a Not I site. Double strand cDNA was
                     size selected according to mRNA size fraction, ligated
                     with EcoR I adaptor, digested with NotI and then cloned
                     directionally into pYX-Asc vector. The library tag
                     sequence located between the Not I site and the polyA tail
                     is CAGCCACGAC. This library was created for the University
                     Iowa Brain Anatomy Project (BMAP): 'Gene Discovery in the
                     Developing Mouse Nervous System', supported by National
                     Institute of Mental Health (NIMH), Hemin Chin, Ph.D.,
                     program coordinator."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              3.6e-61     Length:        851
Score:                  1028.00     Matches:       197
Percent Similarity:     80.85%      Conservative:  31
Best Local Similarity:  69.86%      Mismatches:    52
Query Match:            17.25%      Indels:        2
DB:                     5           Gaps:          1

US-10-044-692-2 (1-1132) x BU702370 (1-851)

Qy        738 ThrTyrCysValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLys 757
              ||||||||:::|||:::||||||||||||::::::   :::   |||   |||   |||
Db          6 ACGTACTGTATCCGCCAGTATGCAGTGGTCCGGAGAGATAGCCAAGGCCAAGTCCACAAG 65

Qy        758 AlaPheLysSerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheVal 777
              :::|||:::        |||:::||||||:::||||||||||||||||   ||||||:::
Db         66 TCCTTTAGGAGACAGGTCACCACCCTCTCTGACCTCCAGCCATACATGGGCCAGTTCCTT 125

Qy        778 AlaHisLeuGlnGluThr------SerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSer 795
              |||||||||::::::         |||   ||||||::::::||||||||||||||||||
Db        126 AAGCATCTGCAGGATTCAGATGCCAGTGCACTGAGGAACTCCGTTGTCATCGAGCAGAGC 185

Qy        796 SerSerLeuAsnGluAlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHis 815
                 |||:::||||||:::||||||   |||||||||   ||||||   |||:::   |||
Db        186 ATCTCTATGAATGAGAGCAGCAGCAGCCTGTTTGACTTCTTCCTGCACTTCCTGCGTCAC 245

Qy        816 HisAlaValArgIleArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySer 835
                    |||:::|||      :::   |||   |||||||||||||||||||||||||||
Db        246 AGTGTCGTAAAGATTGGTGACAGGTGCTATACGCAGTGCCAGGGCATCCCCCAGGGCTCC 305

Qy        836 IleLeuSerThrLeuLeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAla 855
                 ||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||
Db        306 AGCCTATCCACCCTGCTCTGCAGTCTGTGTTTCGGAGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCT 365

Qy        856 GlyIleArgArgAspGlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrPro 875
                 ::::::||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||
Db        366 GAGGTGCAGCGGGATGGGTTGCTTTTACGTTTTGTTGATGACTTTCTGTTGGTGACGCCT 425

Qy        876 HisLeuThrHisAlaLysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGly 895
              ||||||      ||||||||||||      |||||||||   ||||||||||||||||||
Db        426 CACTTGGACCAAGCAAAAACCTTCCTCAGCACCCTGGTCCATGGCGTTCCTGAGTATGGG 485

Qy        896 CysValValAsnLeuArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGly 915
              |||::::::||||||:::||||||||||||||||||||||||         ||||||
Db        486 TGCATGATAAACTTGCAGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTGGAGCCTGGTACCCTGGGT 545

Qy        916 GlyThrAlaPheValGlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeu 935
              |||   |||      |||:::|||||||||   ||||||||||||||||||||||||||
Db        546 GGTGCAGCTCCATACCAGCTGCCTGCTCACTGCCTGTTTCCCTGGTGTGGCTTGCTGCTG 605

Qy        936 AspThrArgThrLeuGluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArg 955
              ||||||:::||||||||||||      |||||||||   ||||||:::|||||||||:::
Db        606 GACACTCAGACTTTGGAGGTGTTCTGTGACTACTCAGGTTATGCCCAGACCTCAATTAAG 665

Qy        956 AlaSerLeuThrPheAsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPhe 975
                 ||||||||||||      |||   ||||||:::   ||||||         |||
Db        666 ACGAGCCTCACCTTCCAGAGTGTCTTCANAGCTGGGAAGACCATGCGGAACANGCTCCTG 725

Qy        976 GlyValLeuArgLeuLysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGln 995
                 ||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        726 TCGGTCTTGCGGTTGAAGTGTCACGGTCTATTTCTAGACTTGCAGGTGAACAGCCTCCAG 785

Qy        996 ThrValCysThrAsnIleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCys 1015
              |||||||||   |||||||||||||||   ||||||      ||||||||||||||||||
Db        786 ACAGTCTGCATCAATATATACAAGATCTTCCTGCTTCANGGCTACAGGTTCCATGCATGT 845

Qy       1016 ValLeu 1017
              |||:::
Db        846 GTGATT 851

RESULT 6
BG917907
LOCUS       BG917907                851 bp    mRNA    linear   EST 05-JUN-2001
DEFINITION  602820830F1 NCI_CGAP_Mam6 Mus musculus cDNA clone IMAGE:4949887 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   BG917907
VERSION     BG917907.1  GI:14298383
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 851)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Jeffrey Green M.D.
             cDNA Library Preparation: Life Technologies, Inc.
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
```

```
             DNA Sequencing by: Incyte Genomics, Inc.
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
            Plate: LLAM10903  row: k  column: 08
            High quality sequence stop: 753.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..851
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="FVB/N"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:4949887"
                     /sex="female, virgin"
                     /tissue_type="infiltrating ductal carcinoma"
                     /dev_stage="5 months"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_Mam6"
                     /note="Organ: mammary; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1: SalI;
                     Site_2: NotI; Cloned unidirectionally.  Primer: Oligo dT.
                     Library constructed by Life Technologies. Investigator
                     providing samples: Jeffrey Green, M.D., NIH"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              1.54e-50       Length:          851
Score:                  875.00         Matches:         188
Percent Similarity:     76.28%         Conservative:    21
Best Local Similarity:  68.61%         Mismatches:      61
Query Match:            14.68%         Indels:          7
DB:                     4              Gaps:            1

US-10-044-692-2 (1-1132) x BG917907 (1-851)

Qy        856 GlyIleArgArgAspGlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrPro 875
              |||::::::||||||||   |||||||||         |||||||||||  |||||||||
Db         10 GGGGTGCAGCGGGATGGGTG-CTTTTACGTTG-TGTGATGACTTTCTGTAGGTGACGCCT 67

Qy        876 HisLeuThrHisAlaLysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGly 895
              ||||||         |||||||||||||||  |||||||||  |||||||||||||||||||
Db         68 CACTTGGACCAAGCAAAAACCTTCCTCAGCACCCTGGTCCATGGCGTTCCTGAGTATGGG 127

Qy        896 CysValValAsnLeuArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGly 915
              |||::::::||||||:::|||||||||||||||||||||||||         ||||||
Db        128 TGCATGATAAACTTGCAGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTGGAGCCTGGTACCCTGGGT 187

Qy        916 GlyThrAlaPheValGlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeu 935
              |||   |||      |||:::||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||
Db        188 GGTGCAGCTCCATACCAGCTGCCTGCTCACTGCCTGTTTCCCTGGTGTGGCTTGCTGCTG 247

Qy        936 AspThrArgThrLeuGluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArg 955
              ||||||:::||||||||||||        ||||||||||  ||||||:::|||||||||:::
Db        248 GACACTCAGACTCTGGAGGTGTTCTGTGACTACTCAGGTTATGCCCAGACCTCAATTAAG 307

Qy        956 AlaSerLeuThrPheAsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPhe 975
                 ||||||||||||          ||||||||||||:::    ||||||   ||||||
Db        308 ACGAGCCTCACCTTCCAGAGTGTCTTCAAAGCTGGGAAGACCATGCGGAACAAGCTCCTG 367

Qy        976 GlyValLeuArgLeuLysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGln 995
                 |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        368 TCGGTCTTGCGGTTGAAGTGTCACGGTCTATTTCTAGACTTGCAGGTGAACAGCCTCCAG 427

Qy        996 ThrValCysThrAsnIleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCys 1015
              |||||||||  |||||||||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        428 ACAGTCTGCATCAATATATACAAGATCTTCCTGCTTCAGGCCTACAGGTTCCATGCATGT 487

Qy       1016 ValLeuGlnLeuProPheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgVal 1035
              |||:::::||||||||||||      |||:::|||    ||||||  ||||||||||||    :::
Db        488 GTGATTCAGCTTCCCTTTGACCAGCGTGTTAGGAAGAACCTCACATTCTTTCTGGGCATC 547

Qy       1036 IleSerAspThrAlaSerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSer 1055
              ||||||      ||||||   ||||||:::|||||||||    ||||||   ||||||:::
Db        548 ATCTCCAGCCAAGCATCCTGCTGCTATGCTATCCTGAAGGTCAAGAATCCAGGAATGACA 607

Qy       1056 LeuGlyAlaLysGlyAlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHis 1075
              |||   |||   |||:::                  |||   ||||||       |||||||||:::
Db        608 CTAAAGGCCTCTGGCTCC---------TTTCCTCCTGAAGCCGA-CATTGGCTCTGCTAC 657

Qy       1076 GlnAlaPheLeu-LeuLysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySe 1095
              ||||||||||||| |||||||||       |||   |||    |||        |||||||||
Db        658 CAGGCCTTCCTGGCTCAAGCTGGCTGCTCATTCTGTCATCTACAAATGTCTCCTGGGACC 717

Qy       1095 rLeuArgThrAlaGlnThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLe 1115
               |||||||||||||||        |||   ||||||||||            |||:::|||   ||
Db        718 TCTGAGGACAGCCCAAAAACCGCTGTGCCGGAAGCTCGCAGAGGCGACAATGACCATGCT 777

Qy       1115 uGluAlaAlaAlaAsnProAlaLeuProSerAspPheLys 1128
               |    |||||||||:::|||    |||    :::||||||:::
Db        778 TACAGCTGCAGCTGACCCAGACCTAAGGACAGACTTTCAG 817

RESULT 7
BM824748
LOCUS       BM824748                 492 bp    mRNA    linear   EST 06-MAR-2002
DEFINITION  K-EST0096335 S22SNU16n1 Homo sapiens cDNA clone S22SNU16n1-99-E07
            5', mRNA sequence.
ACCESSION   BM824748
VERSION     BM824748.1  GI:19181161
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 492)
  AUTHORS   Kim,N.S., Hahn,Y., Oh,J.H., Lee,J.Y., Ahn,H.Y., Chu,M.Y., Kim,M.R.,
            Oh,K.J., Cheong,J.E., Sohn,H.Y., Kim,J.M., Park,H.S., Kim,S. and
            Kim,Y.S.
  TITLE     21C Frontier Korean EST Project 2001
  JOURNAL   Unpublished (2002)
COMMENT     Contact: Kim YS
            Genome Research Center
            Korea Research Institute of Bioscience & Biotechnology
            52 Eoeun-dong Yuseong-gu, Daejeon 305-333, South Korea
            Tel: +82-42-860-4470
            Fax: +82-42-860-4409
            Email: yongsung@mail.kribb.re.kr
            Plate: 99  row: E  column: 07
            High quality sequence stop: 492.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..492
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="S22SNU16n1-99-E07"
                     /sex="F"
                     /tissue_type="Ascites"
                     /cell_type="Lymphoblast-like"
                     /cell_line="SNU-16"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="S22SNU16n1"
                     /note="Organ: Stomach; Vector: pT7T3-Pac; Site_1: EcoRI;
                     Site_2: NotI; The S22SNU16 library was contributed by the
                     Soares laboratory and it was constructed as described by
                     Bonaldo, M.F., Lennon, G. and Soares, M.B. (1996), Genome
                     Research 6(9): 791-806. RNA was prepared from harvested
                     cells of SNU-16 culture. SNU-16 cell was obtained from
                     Korean Cell Line Bank (KCLB). SNU-16 was established from
                     ascitic fluids of Korean patients by Park J.G. et al.
                     (1990), Cancer Res 50: 2773-2780."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              5.07e-44       Length:          492
Score:                  776.00         Matches:         148
Percent Similarity:     100.00%        Conservative:    0
Best Local Similarity:  100.00%        Mismatches:      0
Query Match:            13.02%         Indels:          0
```

```
DB:                4          Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BM824748 (1-492)

Qy        905 ValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheValGlnMetProAla 924
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGCCGGCC 60

Qy        925 HisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeuGluValGlnSer 944
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 CACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGC 120

Qy        945 AspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPheAsnArgGlyPhe 964
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTC 180

Qy        965 LysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeuLysCysHisSer 984
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 AAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGC 240

Qy        985 LeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsnIleTyrLysIle 1004
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 CTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATC 300

Qy       1005 LeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuProPheHisGlnGln 1024
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAA 360

Qy       1025 ValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAlaSerLeuCysTyr 1044
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTAC 420

Qy       1045 SerIleLeuLysAlaLysAsnAla 1052
              ||||||||||||||||||||||||
Db        421 TCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCA 444

RESULT 8
BQ258274
LOCUS       BQ258274                 664 bp    mRNA    linear   EST 06-MAY-2002
DEFINITION  NISC_kp11g04.q3 Baker mouse embryo e7.5 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:5409222, mRNA sequence.
ACCESSION   BQ258274
VERSION     BQ258274.1  GI:20459030
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 664)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP),
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            cDNA Library Preparation: J. Baker (Stanford University)
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium/LLNL
             DNA Sequencing by: National Institutes of Health Intramural
            Sequencing Center (NISC)
             Clone distribution: NCI-CGAP clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            info@image.llnl.gov
             MGI:1845958
            Plate: LLAM12043  row: N  column: 7
            Seq primer: Sp6 primer.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..664
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="CD-1"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:5409222"
                     /tissue_type="embryo, late gastrula"
                     /dev_stage="embryo, 7.5 dpc"
                     /lab_host="XL1-Blue"
                     /clone_lib="Baker mouse embryo e7.5"
                     /note="Vector: pCS105; Site_1: NotI; Site_2: SalI; cDNA
                     made by oligo-dT priming. Directionally cloned into
                     SalI/NotI sites using the following 5' adaptor:
                     5'-TCGACCCACGCGTCCG-3'. Size-selected for average insert
                     size 1.8-1.9 kb. Library constructed by J. Baker (Stanford
                     University)."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:               1.65e-43        Length:           664
Score:                   771.50          Matches:          153
Percent Similarity:      72.03%          Conservative:     17
Best Local Similarity:   64.83%          Mismatches:       45
Query Match:             12.94%          Indels:           21
DB:                      5               Gaps:             2

US-10-044-692-2 (1-1132) x BQ258274 (1-664)

Qy        352 ProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeuValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrp 371
              |||:::||||||||||||||||||||||||||     ||||||||||||||||||||
Db         10 CCTAACTTGACTGGGGCCAGGAGACTGGTGGAGATCATCTTTCTGGGCTCAAGGCCTAGG 69

Qy        372 MetProGlyThrProArgArgLeuProArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgPro 391
                  |||      |||    |||||  :::||||||||||||||||||||
Db         70 ACATCAGGACCACTCTGCAGGACACACCGTCTATCGCGTCGATACTGGCAGATGCGGCCC 129

Qy        392 LeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHisAlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThr 411
              ||||||    :::|||||||  |||||||||:::|||  |||       ||||||:::::
Db        130 CTGTTCCAACAGCTGCTGGTGAACCATGCAGAGTGCCAATATGTCAGACTCCTCAGGTCA 189

Qy        412 HisCysProLeuArgAlaAla---------ValThrProAlaAlaGlyValCysAlaArg 428
              ||||||      |||   |||         ||||||  |||
Db        190 CATTGCAGGTTTCGAACAGCAAACCAACAGGTGACAGATGCCTTG--------------- 234

Qy        429 GluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGluGluAspThrAspProArgArgLeu 448
                                                    :::|||   |||      |||
Db        235 ---------------------------------------AACACCAGCCCACCGCACCTC 255

Qy        449 ValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGlnValTyrGlyPheValArgAlaCys 468
              :::   ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||
Db        256 ATGGATTTGCTCCGCCTGCACAGCAGTCCCTGGCAGGTATATGGTTTTCTTCGGGCCTGT 315

Qy        469 LeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySerArgHisAsnGluArgArgPheLeu 488
              |||   ::::::|||             ||||||||:::|||||||||||||||||||
Db        316 CTCTGCAAGGTGGTGTCTGCTAGTCTCTGGGGTACCAGGCACAATGAGCGCCGCTTCTTT 375

Qy        489 ArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHisAlaLysLeuSerLeuGlnGluLeu 508
              :::|||    |||||||||||||||||||:::   |||||||||||||||||||
Db        376 AAGAACTTAAAGAAGTTCATCTCGTTGGGGAAATACGGCAAGCTATCACTGCAGGAACTG 435

Qy        509 ThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeuArgArgSerProGlyValGlyCys 528
                 ||||||||   |||    ||||||   ||||||||    |||||||||
Db        436 ATGTGGAAGATGAAAGTAGAGGATTGCCACTGGCTCCGCAGCAGCCCAGGGAAGGACCGT 495

Qy        529 ValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIleLeuAlaLysPheLeuHisTrpLeu 548
              |||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||   ||||||  ||||||
Db        496 GTCCCCGCTGCAGAGCACCGTCTGAGGGAGAGGATCCTGGCTACGTTCCTGTTCTGGCTG 555

Qy        549 MetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhePheTyrValThrGluThrThrPhe 568
              |||      ||||||||:::||||||||||||||||||||:::||||||:::||||||
Db        556 ATGGACACATACGTGGTACAGCTGCTTAGGTCATTCTTTTACATCACAGAGAGCACATTC 615

Qy        569 GlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerValTrpSerLysLeu 584
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        616 CAGAAGAACAGGCTCTTCTTCTACCGTAAGAGTGTGTGGAGCAAGCTG 663

RESULT 9
CR688161
LOCUS       CR688161                1424 bp    mRNA    linear   HTC 12-AUG-2004
DEFINITION  Tetraodon nigroviridis full-length cDNA.
```

```
ACCESSION   CR688161
VERSION     CR688161.1  GI:51186068
KEYWORDS    HTC; cDNA; full-length; Tetraodon nigroviridis.
SOURCE      Tetraodon
  ORGANISM  Tetraodon
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Euteleostei; Neoteleostei;
            Acanthomorpha; Acanthopterygii; Percomorpha; Tetraodontiformes;
            Tetradontoidea; Tetraodontidae.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1424)
  AUTHORS   Genoscope.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (10-AUG-2004) Genoscope - Centre National de Sequencage -
            : 2 rue Gaston Cremieux, CP 5706 - 91057 EVRY cedex - FRANCE
            (E-mail : seqref@genoscope.cns.fr - Web : www.genoscope.cns.fr)
COMMENT     The sequences are based on single pass reads.
            More information available at
            http://www.genoscope.cns.fr/tetraodon.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .1424
                     /organism="Tetraodon"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:47144"
                     /tissue_type="Eyes"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              8.77e-37       Length:        1424
Score:                  682.00         Matches:       155
Percent Similarity:     58.36%         Conservative:  51
Best Local Similarity:  43.91%         Mismatches:    140
Query Match:            11.44%         Indels:        8
DB:                     3              Gaps:          3

US-10-044-692-2 (1-1132) x CR688161 (1-1424)

Qy        780 LeuGlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsn 799
              |||||||||          :::     ::::::::::||||||      |||    :::
Db         21 CTGCAGGAAAAAGGGAAGATTCACCACTCAATACTGGTAGAGCAGCATTTCTCCTCAGAT 80

Qy        800 GluAlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArg 819
                                       |||   :::   :::               |||:::
Db         81 CTACAAGGAGAAGATGCACTGAAATTCTTTACTCAAATGCTAACGGGCAGCGTGGTTAAG 140

Qy        820 IleArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThr 839
                          |||:::|||   ||||||:::|||:::||||||||||||    :::|||:::
Db        141 TTTGGAAAAAAAACATACAGACAGTGCAGAGGGGTTCCTCAGGGATCTGCTGTGTCCAGT 200

Qy        840 LeuLeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGly---IleArg 858
              :::||||||   ||||||||||||   ||||||||||   |||||||      |||:::
Db        201 GTGCTTTGCTGCCTCTGCTATGGTCTTATGGAGAACGTCCTATTCAAGGACATCATTAAA 260

Qy        859 ArgAspGlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThr 878
                    |||   |||:::||||||||||||||||||||||||:::||||||   |||
Db        261 AACAAAGGCTCTTTAATGAGACTGGTGGATGACTTCCTTCTCATCACCCCTGACCTGCGC 320

Qy        879 HisAlaLysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValVal 898
                 |||:::|||||||||||||   |||:::   |||||||||:::|||||||   |||
Db        321 GACGCACAGACCTTTTTGAAGATTCTGCTGGCTGGGGTCCCTCAGTATGGTTTGGTGGCT 380

Qy        899 AsnLeuArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAla 918
              |||   :::|||   ||||||||||||            :::
Db        381 AATCCTCAGAAGATTGTGGTCAATTTTGAGGATTCTGAGAGCACAAACTCTTGTCCTGGC 440

Qy        919 PheValGlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArg 938
                       :::|||         ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        441 ATTCGTGTGCTTCCCCTACGCTGCCTCTTCCCCTGGTGTGGACTGCTGCTGGATACATAC 500

Qy        939 ThrLeuGluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeu 958
                 |||::::::         ||||||||||||||||||      |||:::|||   ||||||
Db        501 AATCTCGACATCTATAAAGACTATTCTAGCTATGCAAACCTGTCCTTGCGCTACAGCCTT 560

Qy        959 ThrPheAsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeu 978
                 |||                        ||||||:::   |||:::|||||||||   |||
Db        561 ACTTTAGGCCCCTGCCACTGTGCTGGACAGCAAATGAAGAGAAAACTGAT-GGC---TTC 616

Qy        979 ArgLeuLysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCys 998
              ||||||||||||:::||||||   ||||||:::   |||||||||:::   :::
Db        617 AGACTGAAGTGCCATGCCTTGTTCTTTGATCTAAAGACCAACTCTCTTGAAGCCATCTAT 676

Qy        999 ThrAsnIleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGln 1018
                 ||||||||||||:::||||||||   |||   ||||||||   |||
Db        677 AAGAATATCTACAAATTACTGCTGCTTCACGCACTCAGGTTCCATGTGTGTGCTCAGGGT 736

Qy       1019 LeuProPheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAsp 1038
              ||||||||   |||   |||   ||||||||   :::||||||   :::|||
Db        737 CTGCCCTTTGGTCAGACTGTTGCTAAGAACCCAGCATACTTCCTGCTGATGATATGGCAT 796

Qy       1039 ThrAlaSerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAla 1058
                 |||            :::::::::   |||                   |||:::
Db        797 ATGGCTGAGTACACCAATCATCTCGTCAGGCTCAGCAACAAT------------GGCAGT 844

Qy       1059 LysGlyAlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeu-CysHisGlnAlaPh 1078
              |||         |||   :::      |||||||||:::   |||            :::||
Db        845 AAAGCTCAGACTGGCTCTGTGCAGCATGAAGCAGTGGAGCTGCTTTTCTGCTCTATCCTT 904

Qy       1078 eLeuLeuLysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgTh 1098
              |||||||   |||::::::||||||      |||      ||||||      |||:::
Db        905 CTTGCTGGTGCTGTCCAAACATCGACGTCTCTATAAAGATCTGCTCCCACACCTGCAAAA 964

Qy       1098 rAlaGlnThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAl 1118
                 :::      |||   ::::::|||            |||      :::      ||
Db        965 ACGGAAGCGCAGTTTAGAGCAGCGCCTGGGAGACCTGAGGTTGGCCAGAGTCCGACAGGC 1024

Qy       1118 aAlaAsnProAlaLeuProSerAspPheLysThrIle 1130
              ||||   |||         |||   ||||||      |||
Db       1025 TGCTCAGCCCAGGACGCCAGTGGACTTCTTGGCAATT 1061

RESULT 10
CF531069
LOCUS       CF531069                 649 bp    mRNA    linear   EST 12-SEP-2003
DEFINITION  UI-M-FY0-cgp-c-19-0-UI.r1 NIH_BMAP_FY0 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:30355746 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CF531069
VERSION     CF531069.1  GI:34583033
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 649)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Dr. Jim Lin, University of Iowa
             cDNA Library preparation: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             cDNA Library Arrayed by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             DNA Sequencing by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             Clone Distribution: Distribution information can be found at
            http://genome.uiowa.edu/distribution/mousefl.html
             This clone was contributed by the Brain Molecular Anatomy Project
            (BMAP)
            Seq primer: pYX-5.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .649
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:30355746"
                     /tissue_type="whole brain"
                     /dev_stage="embryo 13.5,14.5,16.5,17.5dpc"
                     /lab_host="DH10B (T1 phage resistant)"
                     /clone_lib="NIH_BMAP_FY0"
```

```
                    /note="Organ: Brain; Vector: pYX- Asc; Site_1: EcoR I;
                    Site_2: Not I; The library was constructed according
                    Bonaldo, Lennon and Soares, Genome Research, 6:791-806,
                    1996. Denatured RNA was size fractionated on a 1% agarose
                    gel. First strand cDNA synthesis was primed with oligo-dT
                    primer containing a Not I site. Double strand cDNA was
                    size selected according to mRNA size fraction, ligated
                    with EcoR I adaptor, digested with NotI and then cloned
                    directionally into pYX-Asc vector. The library tag
                    sequence located between the Not I site and the polyA tail
                    is AGCGAGACAG. This library was created for the University
                    Iowa Brain Anatomy Project (BMAP): 'Gene Discovery in the
                    Developing Mouse Nervous System', supported by National
                    Institute of Mental Health (NIMH), Hemin Chin, Ph.D.,
                    program coordinator."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.69e-36      Length:        649
Score:                  667.50        Matches:       153
Percent Similarity:     46.32%        Conservative:  17
Best Local Similarity:  41.69%        Mismatches:    32
Query Match:            11.20%        Indels:        165
DB:                     7             Gaps:          3

US-10-044-692-2 (1-1132) x CF531069 (1-649)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
Db         42 ATGACCCGCGCTCCTCGTTGCCCCGCGGTGCGCTCTCTGCTGCGCAGCCGATACCGGGAG 101

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
Db        102 GTGTGGCCGCTGGCAACCTTTGTGCGGCGCCTGGGGCCCGAGGGCAGGCGGCTTGTGCAA 161

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
Db        162 CCCGGGGACCCGAAGATCTACCGCACTTTGGTTGCCCAATGCCTAGTGTGCATGCACTGG 221

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
Db        222 GGCTCACAGCCTCCACCTGCCGACCTTTCCTTCCACCAGGTGTCATCCCTGAAAGAGCTG 281

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
Db        282 GTGGCCAGGGTTGTGCAGAGACTCTGCGAGCGCAACGAGAGAAACGTGCTGGCTTTTGGC 341

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
Db        342 TTTGAGCTGCTTAACGAGGCCAGAGGCGGGCCTCCCATGGCCTTCACTAGTAGCGTGCGT 401

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
Db        402 AGCTACTTGCCCAACACTGTTATTGAGACCCTGCGTGTCAGTGGTGCATGGATGCTACTG 461

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
Db        462 TTGAGCCGAGTGGGCGACGACCTGCTGGTCTACCTGCTGGCACACTGTGCTCTTTATCTT 521

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
Db        522 CTGGTGCCCCCCAGCTGTGCCTAC------------------------------------ 545

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
Db        545 ------------------------------------------------------------ 545

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
Db        545 ------------------------------------------------------------ 545

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
Db        545 ------------------------------------------------------------ 545

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
Db        546 ------------------------------------CAGGGGAGATGG------------ 557

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
Db        557 ------------------------------------------------------------ 557

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
Db        557 ------------------------------------------------------------ 557

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
Db        558 ---------------------CCAAGAGCGTCT--------------------------- 569

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
Db        569 ------------------------------------------------------------ 569

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
Db        570 ---AAACCCTCATTCCTACTCAGCANCCTCCAGCCTAACTTGACTGGGGCCAGGAGACTG 626

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGly 367
Db        627 GTGGAGATCATCTTTCTGGGC 647

RESULT 11
CF531121
LOCUS       CF531121                 688 bp    mRNA    linear   EST 12-SEP-2003
DEFINITION  UI-M-FY0-cgp-m-21-0-UI.r1 NIH_BMAP_FY0 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:30355988 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CF531121
VERSION     CF531121.1  GI:34583085
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 688)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Dr. Jim Lin, University of Iowa
             cDNA Library preparation: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             cDNA Library Arrayed by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             DNA Sequencing by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             Clone Distribution: Distribution information can be found at
            http://genome.uiowa.edu/distribution/mousefl.html
             This clone was contributed by the Brain Molecular Anatomy Project
            (BMAP)
            Seq primer: pYX-5.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..688
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:30355988"
                     /tissue_type="whole brain"
                     /dev_stage="embryo 13.5,14.5,16.5,17.5dpc"
                     /lab_host="DH10B (T1 phage resistant)"
                     /clone_lib="NIH_BMAP_FY0"
                     /note="Organ: Brain; Vector: pYX- Asc; Site_1: EcoR I;
                     Site_2: Not I; The library was constructed according
                     Bonaldo, Lennon and Soares, Genome Research, 6:791-806,
                     1996. Denatured RNA was size fractionated on a 1% agarose
                     gel. First strand cDNA synthesis was primed with oligo-dT
```

```
                        primer containing a Not I site. Double strand cDNA was
                        size selected according to mRNA size fraction, ligated
                        with EcoR I adaptor, digested with NotI and then cloned
                        directionally into pYX-Asc vector. The library tag
                        sequence located between the Not I site and the polyA tail
                        is AGCGAGACAG. This library was created for the University
                        Iowa Brain Anatomy Project (BMAP): 'Gene Discovery in the
                        Developing Mouse Nervous System', supported by National
                        Institute of Mental Health (NIMH), Hemin Chin, Ph.D.,
                        program coordinator."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:               3.45e-36      Length:         688
Score:                   666.50        Matches:        154
Percent Similarity:      46.34%        Conservative:   17
Best Local Similarity:   41.73%        Mismatches:     32
Query Match:             11.18%        Indels:         166
DB:                      7             Gaps:           2

US-10-044-692-2 (1-1132) x CF531121 (1-688)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
                |||   |||||||||||||||    ||||||||||||||||||||||    ||||||||
Db         79 ATGACCCGCGCTCCTCGTTGCCCCGCGGTGCGCTCTCTGCTGCGCAGCCGATACCGGGAG 138

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
                |||   |||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||    ||||||||||
Db        139 GTGTGGCCGCTGGCAACCTTTGTGCGGCGCCTGGGGCCCGAGGGCAGGCGGCTTGTGCAA 198

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
                   |||||||||      :::|||   ||||||||||||||||||||||:::    |||
Db        199 CCCGGGGACCCGAAGATCTACCGCACTTTGGTTGCCCAATGCCTAGTGTGCATGCACTGG 258

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
                 ::::::|||||||||||       ||||||   |||||||||    ||||||||||
Db        259 GGCTCACAGCCTCCACCTGCCGACCTTTCCTTCCACCAGGTGTCATCCCTGAAAGAGCTG 318

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
                ||||||||||||:::||||||||||||||||||       :::|||||||||||||||||
Db        319 GTGGCCAGGGTTGTGCAGAGACTCTGCGAGCGCAACGAGAGAAACGTGCTGGCTTTTGGC 378

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
                |||   ||||||:::    |||||||||||||||||    |||||||||:::||||||||
Db        379 TTTGAGCTGCTTAACGAGGCCAGAGGCGGGCCTCCCATGGCCTTCACTAGTAGCGTGCGT 438

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
                |||||||||||||||||||     :::       ||||||    ||||||||||||   ||||||
Db        439 AGCTACTTGCCCAACACTGTTATTGAGACCCTGCGTGTCAGTGGTGCATGGATGCTACTG 498

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
                |||   ||||||||||||||:::||||||:::|||||||||      |||||||||::::::
Db        499 TTGAGCCGAGTGGGCGACGACCTGCTGGTCTACCTGCTGGCACACTGTGCTCTTTATCTT 558

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
                ||||||   ||||||||||||||
Db        559 CTGGTGCCCCCCAGCTGTGCCTAC------------------------------------ 582

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200

Db        582 ------------------------------------------------------------ 582

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220

Db        582 ------------------------------------------------------------ 582

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240

Db        582 ------------------------------------------------------------ 582

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrp-AlaHisProGl 260
                                                        ||||||    |||
Db        583 ------------------------------------CAGGGGAGATGGCCAN-------- 598

Qy        260 yArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGl 280

Db        598 ------------------------------------------------------------ 598

Qy        280 uGluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGl 300

Db        598 ------------------------------------------------------------ 598

Qy        300 yArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPr 320

Db        598 ------------------------------------------------------------ 598

Qy        320 oCysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGl 340
                                                                     |||::
Db        599 -------------------------------------------------------GAGCG 603.

Qy        340 nLeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLe 360
               :|||   |||||||||||||||||    |||::::|||:::|||||||||||||||||||
Db        604 TCTAAACCCCTCATTCCTACTCAGCANCCTCCAGCCTAACTTGACTGGGGCCAGGAGACT 663

Qy        360 uValGluThrIlePheLeuGlySer 368
               |||||||    ||||||||||||||
Db        664 GGTGGAGATCATCTTTCTGGGCTCA 688

RESULT 12
AA281296
LOCUS       AA281296                 389 bp    mRNA    linear   EST 14-AUG-1997
DEFINITION  zt08g02.r1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:712562 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   AA281296
VERSION     AA281296.1  GI:1924194
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 389)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP),
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            This clone is available royalty-free through LLNL ; contact the
            IMAGE Consortium (info@image.llnl.gov) for further information.
            Insert Length: 2187   Std Error: 0.00
            Seq primer: -28m13 rev2 ET from Amersham
            High quality sequence stop: 385.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..389
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:712562"
                     /tissue_type="germinal center B cell"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_GCB1"
                     /note="Vector: pT7T3D-Pac (Pharmacia) with a modified
                     polylinker; Site_1: Not I; Site_2: Eco RI; 1st strand cDNA
                     was prepared from human tonsillar cells enriched for
                     germinal center B cells by flow sorting (CD20+, IgD-),
                     provided by Dr. Louis M. Staudt (NCI), Dr. David Allman
                     (NCI) and Dr. Gerald Marti (CBER).  cDNA synthesis was
                     primed with a Not I - oligo(dT) primer
                     [5'-TGTTACCAATCTGAAGTGGGAGCGGCCGCCTCATTTTTTTTTTTTTTTTTT-3'
                     ]. Double-stranded cDNA was ligated to Eco RI adaptors
                     (Pharmacia), digested with Not I and cloned into the Not I
                     and Eco RI sites of the modified pT7T3 vector. Library
                     went through one round of normalization, and was
                     constructed by Bento Soares and M. Fatima Bonaldo."
ORIGIN
```

```
Alignment Scores:
Pred. No.:              3.83e-35      Length:        389
Score:                  646.00        Matches:       127
Percent Similarity:     100.00%       Conservative:  2
Best Local Similarity:  98.45%        Mismatches:    0
Query Match:            10.84%        Indels:        0
DB:                     1             Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AA281296 (1-389)

Qy     542 AlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhePhe 561
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1 GCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTT 60

Qy     562 TyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerValTrp 581
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      61 TATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGG 120

Qy     582 SerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGluLeu 601
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||::::::
Db     121 AGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGACGTG 180

Qy     602 SerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArgLeu 621
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     181 TCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTC 240

Qy     622 ArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValValGly 641
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     241 CGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGA 300

Qy     642 AlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAlaLeu 661
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     301 GCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTG 360

Qy     662 PheSerValLeuAsnTyrGluArgAla 670
           |||||||||||||||||||||||||||
Db     361 TTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCG 387

RESULT 13
BB618671
LOCUS       BB618671                599 bp    mRNA    linear   EST 26-OCT-2001
DEFINITION  BB618671 RIKEN full-length enriched, 8 days embryo Mus musculus
            cDNA clone 5730412M20 5', mRNA sequence.
ACCESSION   BB618671
VERSION     BB618671.1  GI:16458173
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 599)
  AUTHORS   Arakawa,T., Carninci,P., Fukuda,S., Furuno,M., Hanagaki,T.,
            Hara,A., Hiramoto,K., Hori,F., Ishii,Y., Ito,M., Kawai,J.,
            Konno,H., Kouda,M., Koya,S., Matsuyama,T., Miyazaki,A., Nomura,K.,
            Ohno,M., Okazaki,Y., Okido,T., Saito,R., Sakai,C., Sakai,K.,
            Sano,H., Sasaki,D., Shibata,K., Shinagawa,A., Shiraki,T.,
            Sogabe,Y., Suzuki,H., Tagami,M., Tagawa,A., Takahashi,F.,
            Takeda,Y., Tanaka,T., Toya,T., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     RIKEN Mouse ESTs (Arakawa,T., et al. 2001)
  JOURNAL   Unpublished (2001)
COMMENT     Contact: Yoshihide Hayashizaki
            Laboratory for Genome Exploration Research Group, RIKEN Genomic
            Sciences Center(GSC), Yokohama Institute
            The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN)
            1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa 230-0045, Japan
            Tel: 81-45-503-9222
            Fax: 81-45-503-9216
            Email: genome-res@gsc.riken.jp, URL:http://genome.gsc.riken.jp/
            Carninci,P., Shibata,Y., Hayatsu,N., Sugahara,Y., Shibata,K.,
            Itoh,M., Konno,H., Okazaki,Y., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
             Normalization and subtraction of cap-trapper-selected cDNAs to
            prepare full-length cDNA libraries for rapid discovery of new
            genes. Genome Res. . 10 (10), 1617-1630 (2000)
             wagi,K., Fujiwake,S., Inoue,K., Togawa,Y., Izawa,M., Ohara,E.,
            Watahiki,M., Yoneda,Y., Ishikawa,T., Ozawa,K., Tanaka,T.,
            Matsuura,S., Kawai,J., Okazaki,Y., Muramatsu,M., Inoue,Y., Kira,A.
            and Hayashizaki,Y.
             RIKEN integrated sequence analysis (RISA) system--384-format
            sequencing pipeline with 384 multicapillary sequencer. Genome Res. .
            10 (11), 1757-1771 (2000)
             Konno,H., Fukunishi,Y., Shibata,K., Itoh,M., Carninci,P.,
            Sugahara,Y. and Hayashizaki,Y.
             Computer-based methods for the mouse full-length cDNA
            encyclopedia: real-time sequence clustering for construction of a
            nonredundant cDNA library. Genome Res. . 11 (2), 281-289 (2001)
             Kondo,S., Shinagawa,A., Saito,T., Kiyosawa,H., Yamanaka,I.,
            Aizawa,K., Fukuda,S., Hara,A., Itoh,M., Kawai,J., Shibata,K. and
            Hayashizaki,Y.
             Computational Analysis of Full-Length Mouse cDNAs Compared with
            Human Genome Sequences. Mamm. Genome. 12, 673-677 (2001)
             Please visit our web site (http://genome.gsc.riken.go.jp) for
            further details.
             e mouse tissues.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..599
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="5730412M20"
                     /sex="mixed"
                     /dev_stage="8 days embryo"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="RIKEN full-length enriched, 8 days embryo"
                     /note="Site_1: SalI; Site_2: BamHI; cDNA library was
                     prepared and sequenced in Mouse Genome Encyclopedia
                     Project of Genome Exploration Research Group in Riken
                     Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in
                     RIKEN. Division of Experimental Animal Research in Riken
                     contributed to prepare mouse tissues. 1st strand cDNA was
                     primed with a primer [5'
                     GAGAGAGAGAAGGATCCAAGAGCTCTTTTTTTTTTTTTTTTVN 3'], cDNA was
                     prepared by using trehalose thermo-activated reverse
                     transcriptase and subsequently enriched for full-length by
                     cap-trapper. cDNA went through one round of subtraction to
                     Rot = 100.0 Second strand cDNA was prepared with the
                     primer adapter of sequence [5'
                     GAGAGAGAGATTCTCGAGTTAATTAAATTAATCCCCCCCCCCCC 3']. cDNA
                     was cloned into the XhoI and BamHI sites. Vector: a
                     modified pBluescript KS(+) after bulk excision from Lambda
                     FLC I. Cloning sites, 5' end: SalI; 3' end: BamHI."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.35e-32      Length:        599
Score:                  610.00        Matches:       121
Percent Similarity:     83.85%        Conservative:  14
Best Local Similarity:  75.16%        Mismatches:    26
Query Match:            10.23%        Indels:        0
DB:                     2             Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BB618671 (1-599)

Qy       1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
           |||   ||||||||||||||   |||||||||||||||||||||    |||||||||
Db     115 ATGACCCGCGCTCCTCGTTGCCCCGCGGTGCGCTCTCTGCTGCGCAGCCGATACCGGGAG 174

Qy      21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
           |||   ||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||   ||||||||||||
Db     175 GTGTGGCCGCTGGCAACCTTTGTGCGGCGCCTGGGCCCGAGGGCAGGCGGCTTGTGCAA 234

Qy      41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              |||||||||      :::|||   ||||||||||||||||||||||:::     |||
Db     235 CCCGGGGACCCGAAGATCTACCGCACTTTGGTTGCCCAATGCCTAGTGTGCATGCACTGG 294

Qy      61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
```

```
                ::::::|||||||||||       ||||||  |||||||||   |||||||||||
Db        295 GGCTCACAGCCTCCACCTGCCGACCTTTCCTTCCACCAGGTGTCATCCCTGAAAGAGCTG 354

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||:::|||||||||||||||||         :::|||||||||||||||||
Db        355 GTGGCCAGGGTTGTGCAGAGACTCTGCGAGCGCAACGAGAGAAACGTGCTGGCTTTTGGC 414

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              |||   ||||||:::    ||||||||||||||||     |||||||||:::||||||||
Db        415 TTTGAGCTGCTTAACGAGGCCAGAGGCGGGCCTCCCATGGCCTTCACTAGTAGCGTGCGT 474

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||       :::     ||||||   |||||||||||   ||||||
Db        475 AGCTACTTGCCCAACACTGTTATTGAGACCCTGCGTGTCAGTGGTGCATGGATGCTACTG 534

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              |||   ||||||||||||||:::||||||:::||||||||||    |||||||||::::::
Db        535 TTGAGCCGAGTGGGCGACGACCTGCTGGTCTACCTGCTGGCACACTGTGCTCTTTATCTT 594

Qy        161 Leu 161
              |||
Db        595 CTG 597

RESULT 14
CN274427
LOCUS       CN274427                 409 bp    mRNA    linear   EST 16-MAY-2004
DEFINITION  17000531326763 GRN_ES Homo sapiens cDNA 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CN274427
VERSION     CN274427.1  GI:47290841
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 409)
  AUTHORS   Brandenberger,R., Wei,H., Zhang,S., Lei,S., Murage,J., Fisk,G.J.,
            Li,Y., Xu,C., Fang,R., Guegler,K., Rao,M.S., Mandalam,R.,
            Lebkowski,J and Stanton,L.W.
  TITLE     Transcriptome characterization elucidates signaling networks that
            control human ES cell growth and differentiation
  JOURNAL   Nat. Biotechnol. 22 (6), 707-716 (2004)
COMMENT     Contact: Brandenberger R
            Regenerative Medicine
            Geron Corporation
            230 Constitution Drive, Menlo Park, CA 94025, USA
            Tel: 650 473 8658
            Fax: 650 473 7760
            Email: rbrandenberger@geron.com
            Insert Length: 409   Std Error: 0.00.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .409
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /tissue_type="embryonic stem cells, cell lines H1, H7, and
                     H9"
                     /clone_lib="GRN_ES"
                     /note="oligo dT primed, full-length enriched cDNA library
                     from undifferentiated hES cell lines H1 (p32), H7 (p29),
                     and H9 (p26) maintained in feeder-free conditions"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              1.28e-29        Length:         409
Score:                  567.00          Matches:        108
Percent Similarity:     99.08%          Conservative:   0
Best Local Similarity:  99.08%          Mismatches:     1
Query Match:            9.51%           Indels:         0
DB:                     7               Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x CN274427 (1-409)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         82 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 141

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        142 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 201

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        202 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 261

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        262 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 321

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        322 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCAGC 381

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGly 109
              |||||||||||||||||||||||||||
Db        382 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGG 408

RESULT 15
BE371943
LOCUS       BE371943                 866 bp    mRNA    linear   EST 21-JUL-2000
DEFINITION  601217728F1 NCI_CGAP_Lu29 Mus musculus cDNA clone IMAGE:3586614 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   BE371943
VERSION     BE371943.1  GI:9317215
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 866)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Gilbert Smith, Ph.D.
             cDNA Library Preparation: Life Technologies, Inc.
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Incyte Genomics, Inc.
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
            Plate: LLAM8748  row: h  column: 07
            High quality sequence stop: 639.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .866
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="CZECH II"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:3586614"
                     /tissue_type="spontaneous tumor, metastatic to mammary.
                     Stem cell origin."
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_Lu29"
                     /note="Organ: lung; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1: SalI;
                     Site_2: NotI; Cloned unidirectionally.  Primer: Oligo dT.
                     Library constructed by Life Technologies. Investigator
                     providing samples: Gilbert Smith, NIH"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              4.72e-29        Length:         866
Score:                  566.00          Matches:        108
Percent Similarity:     82.31%          Conservative:   13
Best Local Similarity:  73.47%          Mismatches:     26
Query Match:            9.50%           Indels:         0
```

```
DB:                      2            Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BE371943 (1-866)

Qy        805 LeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIleArgGlyLysSer 824
              ||||||||   ||||||   |||:::   |||       |||:::|||       :::
Db          4 CTGTTTGACTTCTTCCTGCACTTCCTGCGTCACAGTGTCGTAAAGATTGGTGACAGGTGC 63

Qy        825 TyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeuLeuCysSerLeu 844
              |||   |||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||
Db         64 TATACGCAGTGCCAGGGCATCCCCCAAGGCTCCAGCCTATCCACCCTGCTCTGCAGTCTG 123

Qy        845 CysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAspGlyLeuLeuLeu 864
              |||:::||||||||||||||||||||||||||   :::::::::||||||||||||||||
Db        124 TGTTTCGGAGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCTGAGGTGCAGCAGGATGGGTTGCTTTTA 183

Qy        865 ArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAlaLysThrPheLeu 884
              |||   ||||||||||||||||||||||||||||||||         |||||||||||||||
Db        184 CGTTTTGTTGATGACTTTCTGTTGGTGACGCCTCACTTGGACCAAGCAAAAACCTTCCTC 243

Qy        885 ArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeuArgLysThrVal 904
                 |||||||||   ||||||||||||||||||||:::::::||||||:::|||||||||
Db        244 AGCACCCTGGTCCATGGCGTTCCTGAGTATGGATGCATGATAAACTTGCAGAAGACAGTG 303

Qy        905 ValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheValGlnMetProAla 924
              ||||||||||||||||||         ||||||||||||   |||      |||:::||||||
Db        304 GTGAACTTCCCTGTGGAGCCTGGTGCCCTGGGTGGTGCAGCTCCATACCAGCTGCCTGCT 363

Qy        925 HisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeuGluValGlnSer 944
              |||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||
Db        364 CACTGCCTGTTTCCCTGGTGTGGTTTGCTGCTGGACACTCAGACTTTGGAGGTGTTCTGT 423

Qy        945 AspTyrSerSerTyrAlaArg 951
              |||||||||     |||:::
Db        424 GACTACTCAGGGTAAGCACAG 444

RESULT 16
BB651920
LOCUS       BB651920                 614 bp    mRNA    linear   EST 26-OCT-2001
DEFINITION  BB651920 RIKEN full-length enriched, ES cells Mus musculus cDNA
            clone C330020G14 5', mRNA sequence.
ACCESSION   BB651920
VERSION     BB651920.1  GI:16486058
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 614)
  AUTHORS   Arakawa,T., Carninci,P., Fukuda,S., Furuno,M., Hanagaki,T.,
            Hara,A., Hiramoto,K., Hori,F., Ishii,Y., Ito,M., Kawai,J.,
            Konno,H., Kouda,M., Koya,S., Matsuyama,T., Miyazaki,A., Nomura,K.,
            Ohno,M., Okazaki,Y., Okido,T., Saito,R., Sakai,C., Sakai,K.,
            Sano,H., Sasaki,D., Shibata,K., Shinagawa,A., Shiraki,T.,
            Sogabe,Y., Suzuki,H., Tagami,M., Tagawa,A., Takahashi,F.,
            Takeda,Y., Tanaka,T., Toya,T., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     RIKEN Mouse ESTs (Arakawa,T., et al. 2001)
  JOURNAL   Unpublished (2001)
COMMENT     Contact: Yoshihide Hayashizaki
            Laboratory for Genome Exploration Research Group, RIKEN Genomic
            Sciences Center(GSC), Yokohama Institute
            The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN)
            1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa 230-0045, Japan
            Tel: 81-45-503-9222
            Fax: 81-45-503-9216
            Email: genome-res@gsc.riken.jp, URL:http://genome.gsc.riken.jp/
            Carninci,P., Shibata,Y., Hayatsu,N., Sugahara,Y., Shibata,K.,
            Itoh,M., Konno,H., Okazaki,Y., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
             Normalization and subtraction of cap-trapper-selected cDNAs to
            prepare full-length cDNA libraries for rapid discovery of new
            genes. Genome Res. . 10 (10), 1617-1630 (2000)
             wagi,K., Fujiwake,S., Inoue,K., Togawa,Y., Izawa,M., Ohara,E.,
            Watahiki,M., Yoneda,Y., Ishikawa,T., Ozawa,K., Tanaka,T.,
            Matsuura,S., Kawai,J., Okazaki,Y., Muramatsu,M., Inoue,Y., Kira,A.
            and Hayashizaki,Y.
             RIKEN integrated sequence analysis (RISA) system--384-format
            sequencing pipeline with 384 multicapillary sequencer. Genome Res. .
            10 (11), 1757-1771 (2000)
             Konno,H., Fukunishi,Y., Shibata,K., Itoh,M., Carninci,P.,
            Sugahara,Y. and Hayashizaki,Y.
             Computer-based methods for the mouse full-length cDNA
            encyclopedia: real-time sequence clustering for construction of a
            nonredundant cDNA library. Genome Res. . 11 (2), 281-289 (2001)
             Kondo,S., Shinagawa,A., Saito,T., Kiyosawa,H., Yamanaka,I.,
            Aizawa,K., Fukuda,S., Hara,A., Itoh,M., Kawai,J., Shibata,K. and
            Hayashizaki,Y.
             Computational Analysis of Full-Length Mouse cDNAs Compared with
            Human Genome Sequences. Mamm. Genome. 12, 673-677 (2001)
             Please visit our web site (http://genome.gsc.riken.go.jp) for
            further details.
             e mouse tissues.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..614
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="C330020G14"
                     /cell_type="ES cells"
                     /lab_host="SOLR"
                     /clone_lib="RIKEN full-length enriched, ES cells"
                     /note="Site_1: XhoI; Site_2: BamHI; cDNA library was
                     prepared and sequenced in Mouse Genome Encyclopedia
                     Project of Genome Exploration Research Group in Riken
                     Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in
                     RIKEN. Division of Experimental Animal Research in Riken
                     contributed to prepare mouse tissues. 1st strand cDNA was
                     primed with a primer [5'
                     GAGAGAGAGAAGGATCCAAGAGCTCTTTTTTTTTTTTTTTTVN 3'], cDNA was
                     prepared by using trehalose thermo-activated reverse
                     transcriptase and subsequently enriched for full-length by
                     cap-trapper. cDNA went through one round of normalization
                     to Rot = 5.0 and subtraction to Rot = 25.0. Second strand
                     cDNA was prepared with the primer adapter of sequence [5'
                     GAGAGAGAGATTCTCGAGTTAATTAAATTAATCCCCCCCCCCCC 3']."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              1.91e-28        Length:         614
Score:                  554.00          Matches:        113
Percent Similarity:     82.67%          Conservative:   11
Best Local Similarity:  75.33%          Mismatches:     25
Query Match:            9.29%           Indels:         1
DB:                     2               Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BB651920 (1-614)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              |||   |||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||   |||||||||
Db        115 ATGACCCGCGCTCCTCGTTGCCCCGCGGTGCGCTCTCTGCTGCGCAGCCGATACCGGGAG 174

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              |||   |||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||   ||||||||||||
Db        175 GTGTGGCCGCTGGCAACCTTTGTGCGGCGCCTGGGGCCCGAGGGCAGGCGGCTTGTGCAA 234

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
                 |||||||||      :::|||   |||||||||||||||||||||||||:::   |||
Db        235 CCCGGGGACCCGAAGATCTACCGCACTTTGGTTGCCCAATGCCTAGTGTGCATGCACTGG 294

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
                 ::::::||||||||||||      ||||||   |||||||||   ||||||||||||
Db        295 GGCTCACAGCCTCCACCTGCCGACCTTTCCTTCCACCAGGTGTCATCCCTGAAAGAGCTG 354

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||:::|||||||||||||||||||         :::||||||||||||||||||
Db        355 GTGGCCAGGGTTGTGCAGAGACTCTGCGAGCGCAACGAGAGAAACGTGCTGGCTTTTGGC 414
```

```
Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              |||   ||||||:::   ||||||||||||||||||   |||||||||:::||||||||
Db        415 TTTGAGCTGCTTAACGAGGCCAGAGGCGGGCCTCCCATGGCCTTCACTAGTAGCGTGCGT 474

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||    :::    ||||||   |||||||||||   ||||||
Db        475 AGCTACTTGCCCAACACTGTTATTGAGACCCTGCGTGTCAGTGGTGCATGGATGCTACTG 534

Qy        141 LeuArgArgVal-GlyAspAspValLeu 149
              |||   |||||| |||||||||:::|||
Db        535 TTGAGCCGAGTGGGGCGACGACCTGCTG 562
```

```
RESULT 17
BI388013
LOCUS       BI388013                 775 bp    mRNA    linear   EST 26-AUG-2003
DEFINITION  BFL26_002716 Amphioxus 26hr cDNA library (Name convention: BFL26 or
            MPMGp531) Branchiostoma floridae cDNA clone MPMGp531A0937 5', mRNA
            sequence.
ACCESSION   BI388013
VERSION     BI388013.1  GI:30922834
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Branchiostoma floridae (Florida lancelet)
  ORGANISM  Branchiostoma floridae
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Cephalochordata; Branchiostomidae;
            Branchiostoma.
REFERENCE   1  (bases 1 to 775)
  AUTHORS   Panopoulou,G., Hennig,S., Groth,D., Krause,A., Poustka,A.J.,
            Herwig,R., Vingron,M. and Lehrach,H.
  TITLE     New evidence for genome-wide duplications at the origin of
            vertebrates using an amphioxus gene set and completed animal
            genomes
  JOURNAL   Genome Res. 13 (6A), 1056-1066 (2003)
  MEDLINE   22683279
   PUBMED   12799346
COMMENT     Contact: Panopoulou G
            laboratory 145, dept.Lehrach
            Max-Planck-Institut fuer Molekulare Genetik
            Ihnestr.63-73, D-14195 Berlin, Germany
            Tel: +49 30 8413 1235
            Fax: +49 30 8413 1128
            Email: panopoul@molgen.mpg.de
            The library was characterised by oligonucleotide fingerprinting
            (ONFP) to reduce sequencing redundancy. According to the ONFP
            procedure, clones giving the same hybridisation pattern with a
            battery of 200 8mer oligonucleotides are grouped into clusters. One
            clone per cluster is selected for sequencing. The size of each
            cluster is an indicator of the frequency of a transcript in the
            analysed library. The cluster size as well the coordinates of the
            rest of the clones assigned to the same fingerprint cluster as the
            clone from which the above EST is generated is available at the
            amphioxus project site at: http://www.molgen.mpg.de/amphioxus/
            Clones and filters are distributed via the Resource Center/Primary
            Database of the German Genome Project (http://www.rzpd.de)
            PCR PRimers
            FORWARD: 5' CCCCAGGCTTTACACTTTATGCTTCCGGCTCG 3' (M13RSP)
            BACKWARD: 5' GCTATTACGCCAGCTGGCGAAAGGGGGATGTG 3' (M13FSP)
            Insert Length: 1   Std Error: 0.00
            Seq primer: 5'-CCGGTCCGGAATTCCCGGGT-3' pSport3/86
            High quality sequence stop: 775.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..775
                     /organism="Branchiostoma floridae"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:7739"
                     /clone="MPMGp531A0937"
                     /tissue_type="whole embryo"
                     /dev_stage="26 hrs (neurula stage)"
                     /lab_host="E.coli, XL1 blue"
                     /clone_lib="Amphioxus 26hr cDNA library (Name convention:
                     BFL26 or MPMGp531)"
                     /note="Vector: pSport1 (Gibco BRL); Site_1: SalI, KpnI,
                     EcoRI (5'); Site_2: NotI, BamHI, HindIII (3'); OligodT
                     primed and directionally cloned in pSport1 vector using a
                     NotI (5'-pGACTAGTTCTAGATCGCGAGCGGCCGCCC (T)15-3' and a
                     SalI 5'- TCGACCCACGCGTCCG-3'adapters (Gibco BRL)."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              1.01e-25        Length:         775
Score:                  517.00          Matches:        110
Percent Similarity:     57.20%          Conservative:   37
Best Local Similarity:  42.80%          Mismatches:     104
Query Match:            8.67%           Indels:         6
DB:                     4               Gaps:           2

US-10-044-692-2 (1-1132) x BI388013 (1-775)
```

```
Qy        816 HisAlaValArgIleArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySer 835
              |||   ::::::|||   |||         |||   |||      ||||||   |||||||||
Db         21 CACGTGATCCAGATCGGGGGGAGCTACTACCGGCAGATCAGCGGGATCAGTCAGGGATCC 80

Qy        836 IleLeuSerThrLeuLeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAla 855
                 |||||||||||||||||||||         |||   :::||||||   :::
Db         81 TGCCTGTCCACCCTGCTCTGTAGCTTCTTCTACGCTAACATGGAGAGGAGACATCTCTGT 140

Qy        856 GlyIleArgArgAspGlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrPro 875
              |||:::      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        141 GGCATGGACATGGATGGGTTGCTGCTGCGTCTGGTGGATGACTTTCTGCTGGTGACCCCA 200

Qy        876 HisLeuThrHisAlaLysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGly 895
              ||||||      |||         ||||||   |||::::::   |||:::||||||||||||
Db        201 CACCTGGACCAGGCTACAGCCTTCCTCTGTACCATGTTGGATGGTATCCCTGAATATGGG 260

Qy        896 CysValValAsnLeuArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGly 915
              |||   |||:::         |||   :::   ||||||||||||:::
Db        261 TGCAGCGTTCATCCGGACAAAGTCCTGACCAACTTCCCTGTCCAGCACAGG--------- 311

Qy        916 GlyThrAlaPheValGlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeu 935
                                   ||||||   |||   ||||||||||||||:::|||
Db        312 AATGCTGTGGTGACATGTCAGCCAGCAGTCGGCTGGTTCCCGTGGTGCGGCATGCTGTTC 371

Qy        936 AspThrArgThrLeuGluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArg 955
                 |||      |||   |||      ||||||:::   ||||||      |||||||||
Db        372 CACACTCTCCTGCTAGGGGTCATGAGAGACTACACAAAATATGCCAACCTGAGTATCAGG 431

Qy        956 AlaSerLeuThrPheAsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPhe 975
              :::||||||||||:::               |||:::      |||::::::||||||
Db        432 TACACTTTGACCTTTGACCTCCATCAGACTCCCGGTCAGGCCATGAAACAGAAGCTGATG 491

Qy        976 GlyValLeuArgLeuLysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGln 995
                 ::::::   |||||||||:::   ||||||:::   :::|||||||||
Db        492 AACACTGTCAAGGCCAAGTGTCATGCCTTCTTCCTGGAGCCCAAGGTGAATTCAGCAGCT 551

Qy        996 ThrValCysThrAsnIleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCys 1015
                 :::         :::||||||         |||      |||::::::||||||:::
Db        552 GTGATTCAACAGACTCTCTACAAGGCATTCCTGTTCACAGCCCACCAGTTCCACAGCTAC 611

Qy       1016 ValLeuGlnLeuProPheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgVal 1035
                       ||||||         :::            ||||||   |||||||||   :::
Db        612 AACAGCTGTCTGCCCTCCATGTGCAGGGCTCAAGACAACCCTGCATTCTTCCTCACAATG 671

Qy       1036 IleSerAspThrAlaSerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSer 1055
              |||   |||          :::|||:::      |||         :::|||   ::::::
Db        672 ATCATGGAC---------ATCTGCCATTACCCCTTCTACTGGTTGATGCAATGGTGGCA 722

Qy       1056 LeuGlyAlaLysGlyAlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrp 1072
                                       |||:::      :::|||      |||
Db        723 AAGAAAGTGATGTCAGGGCAGCTTCCTGTATCCCAAGATGCANTANAATGG 773
```

```
RESULT 18
BU452535
LOCUS       BU452535                 753 bp    mRNA    linear   EST 29-NOV-2002
DEFINITION  603767927F1 CSEQRBN14 Gallus gallus cDNA clone ChEST696f7 5', mRNA
            sequence.
ACCESSION   BU452535
```

```
VERSION     BU452535.1  GI:25941846
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Gallus gallus (chicken)
  ORGANISM  Gallus gallus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Archosauria; Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae;
            Phasianinae; Gallus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 753)
  AUTHORS   Boardman,P.E., Sanz-Ezquerro,J., Overton,I.M., Burt,D.W., Bosch,E.,
            Fong,W.T., Tickle,C., Brown,W.R.A., Wilson,S.A. and Hubbard,S.J.
  TITLE     A Comprehensive Collection of Chicken cDNAs
  JOURNAL   Curr. Biol. 12 (22), 1965-1969 (2002)
  MEDLINE   22335534
   PUBMED   12445392
COMMENT     Contact: Simon Hubbard
            Department of Biomolecular Sciences
            University of Manchester Institute of Science and Technology
            (UMIST)
            PO Box 88, Manchester, M60 1QD, UK
            Tel: 01612008930
            Fax: 01612360409
            Email: Simon.Hubbard@umist.ac.uk.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..753
                     /organism="Gallus gallus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="Layer"
                     /db_xref="taxon:9031"
                     /clone="ChEST696f7"
                     /sex="Female"
                     /dev_stage="adult"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="CSEQRBN14"
                     /note="Organ: ovary; Vector: pBluescript II KS(+); Site_1:
                     EcoRI; Site_2: NotI; This normalized library was
                     constructed from 1 million independent clones. cDNA
                     synthesis was initiated using an oligo(dT) primer, using
                     methylated C in the first strand synthesis reaction.
                     Following this first strand reaction, double-stranded cDNA
                     was blunted, ligated to NotI adapters, digested with
                     EcoRI, size-selected, and cloned into the NotI and EcoRI
                     compatible sites of a custom modified MCS of the
                     pBluescript (KS+) vector. The library was normalized in 2
                     rounds using conditions adapted from Soares et al., PNAS
                     (1994) 91: 9228-9232 and Bonaldo et al., Genome Research 6
                     (1996): 791, except that a significantly longer
                     reannealing hybridization was used."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:               1.34e-25        Length:          753
Score:                   515.00          Matches:         100
Percent Similarity:      74.55%          Conservative:    23
Best Local Similarity:   60.61%          Mismatches:      42
Query Match:             8.64%           Indels:          0
DB:                      5               Gaps:            0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BU452535 (1-753)

Qy        968 ArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeuLysCysHisSerLeuPheLeu 987
              :::|||||||:::   ||||||        ||||||:::||||||||||||   |||   |||
Db          5 AAAAACATGAAATGCAAATTGACTGCAGTCCTCAAACTGAAATGCCATCCTTTACTTCTT 64

Qy        988 AspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsnIleTyrLysIleLeuLeuLeu 1007
              ||||||::::::||||||||||||||||||         |||:||||||||||||   ||||||
Db         65 GACTTAAAGATCAACAGCCTTCAGACAGTTCTAATTAACATCTACAAGATATTTTTACTT 124

Qy       1008 GlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuProPheHisGlnGlnValTrpLys 1027
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||:::|||
Db        125 CAGGCTTACAGGTTCCATGCCTGTGTTCTTCAGCTTCCATTCAACCAGAAAGTTAGGAAT 184

Qy       1028 AsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAlaSerLeuCysTyrSerIleLeu 1047
              ||||||   ||||||||||||:::||||||||||||||||||      ||||||   ||||||
Db        185 AATCCTGATTTCTTCCTAAGGATCATCTCTGATACTGCTTCATGCTGCTATTTTATCCTG 244

Qy       1048 LysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGlyAlaAlaGlyProLeuProSer 1067
              ||||||||||||   |||:::|||||||||:::|||   |||:::|||         |||
Db        245 AAAGCTAAAAATCCAGGAGTTTCTTTAGGTAGCAAAGATGCATCTGGTATGTTCCCTTTT 304

Qy       1068 GluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeuLysLeuThrArgHisArgVal 1087
              ||||||   :::|||||||||:::   ||||||::::::||||||:::   |||:::|||
Db        305 GAGGCAGCAGAATGGCTGTGCTACCATGCCTTCATTGTCAAACTGTCCAACCACAAAGTT 364

Qy       1088 ThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGlnThrGlnLeuSerArgLysLeu 1107
                 |||      ||||||   |||:::      :::      |||      |||:::
Db        365 ATTTACAAATGCTTACTTAAGCCCCTTAAAGTCTATAAGATGCATCTGTTTGGGAAGATC 424

Qy       1108 ProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAsnProAlaLeuProSerAspPhe 1127
              |||      |||:::      |||:::            |||:::|||      ||||||
Db        425 CCAAGGGATACTATGGAACTGCTGAAGACGGTGACGGAACCATCGCTTTGTCAAGATTTC 484

Qy       1128 LysThrIleLeuAsp 1132
              |||||||||||||||
Db        485 AAAACTATACTGGAC 499

RESULT 19
CN505902
LOCUS       CN505902               846 bp    mRNA    linear   EST 28-APR-2004
DEFINITION  AGENCOURT_22432746 NIH_ZGC_7 Danio rerio cDNA clone IMAGE:7267941
            5', mRNA sequence.
ACCESSION   CN505902
VERSION     CN505902.1  GI:46818526
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Danio rerio (zebrafish)
  ORGANISM  Danio rerio
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Ostariophysi;
            Cypriniformes; Cyprinidae; Danio.
REFERENCE   1  (bases 1 to 846)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Daniela S. Gerhard, Ph.D.
            Office of Cancer Genomics
            National Cancer Institute / NIH.
            Bldg. 31 Rm10A07 Bethesda, MD 20892
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Len Zon, Harvard
             cDNA Library Preparation: Open Biosystems
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Agencourt Bioscience Corporation
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
            Plate: LLAM15246  row: h  column: 19
            High quality sequence start: 21
            High quality sequence stop: 756.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..846
                     /organism="Danio rerio"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:7955"
                     /clone="IMAGE:7267941"
                     /tissue_type="whole body"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NIH_ZGC_7"
                     /note="Vector: pExpress1; Site_1: NotI; Site_2: EcoRV;
                     Bulk tissue was collected from a whole adult individual
                     from the Tuebingen strain. 1st strand cDNA was primed with
                     a Not I - oligo(dT) primer, double-stranded cDNA was
                     cloned into the Not I and EcoRV sites of pExpress-1.
                     Library was size-selected for >1 kb fragments and
                     normalized. A non-normalized version of this library is
                     also available (NIH_ZGC_10). Library was constructed by
                     Open Biosystems (Huntsville, AL)"
ORIGIN
```

```
Alignment Scores:
Pred. No.:              2.1e-23     Length:        846
Score:                  484.50      Matches:       112
Percent Similarity:     56.27%      Conservative:  36
Best Local Similarity:  42.59%      Mismatches:    70
Query Match:            8.13%       Indels:        46
DB:                     7           Gaps:          6

US-10-044-692-2 (1-1132) x CN505902 (1-846)

Qy     813 MetCysHisHisAlaValArgIleArgGly------------------------------ 822
Db      66 GTGTGTCAGCACTCGTCTGAGGTCAGAGGTGGAGACGTCTTCCAGTTCTTCCAGAAGATG 125

Qy     823 ---LysSerTyrVal---------------------------GlnCysGlnGlyIlePro 832
Db     126 CTCAGCAGTTACGTCATCCATTACGACCAGCAGATGTTCCGGCAGGTGTGTGGGATCCCG 185

Qy     833 GlnGlySerIleLeuSerThrLeuLeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLys 852
Db     186 CAGGGCTCTTCTGTGTCTTCTCTGCTGTGTAATCTGTGTTACGGACACATGGAGAAAGCC 245

Qy     853 LeuPheAlaGlyIleArgArgAspGlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeu 872
Db     246 CTGCTGAAGGACATCGCTAAAGGAGGGTGTCTGATGAGGCTGATTGATGATTTTTTGCTC 305

Qy     873 ValThrProHisLeuThrHisAlaLysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValPro 892
Db     306 ATTACTCCTCATCTGAGTAAAGCCACAGAGTTTCTGACCACTCTTCTGTCTGGAGTTCCA 365

Qy     893 GluTyrGlyCysValValAsnLeuArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGlu 912
Db     366 GATTACGGTTGCCAGATTAACCCTCAGAAGGTGGCGGTGAACTTCCCGGTGTGTGTGTCC 425

Qy     913 AlaLeuGlyGlyThrAlaPheValGlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGly 932
Db     426 TGGGTAAACTCGGGCGTCTCTGTG---CTGCCGTCCAGCTGCCTGTTCCCCTGGTGCGGC 482

Qy     933 LeuLeuLeuAspThrArgThrLeuGluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAla------ 950
Db     483 TTGATGATACACACACACACGCTGGACGTCTATAAAGACTACTCACGGTATTATATTTCT 542

Qy     951 ---------------------------------------------------------Arg 951
Db     543 CCATTTACACAATCTGACTGTCCAGACTGTATGAATGCTCCGCCCACTCAGGTATGACGG 602

Qy     952 -ThrSerIleArgAlaSerLeuThrPheAsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetAr 971
Db     603 CCTATCACTGCGCTACAGCCTGACTCTGGGCTCCGCCCACTCTCCATCTACAGTCATG-- 660

Qy     971 gArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeuLysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnVa 991
Db     661 -AAGAAGCTGCTGTCGGTGCTCAGCATCAAAAGCACGGACATCTTCCTAGACCTCAGGCT 719

Qy     991 lAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsnIleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrAr 1011
Db     720 GAACTCTGTGGAGGCCGTTTACAGGAGTCTGTATAAGCTGATTCTGCTGCAGGCGCTCAA 779

Qy    1011 gPheHisAlaCysValLeuGlnLeuProPheHisGlnGlnValTrpLys---AsnProTh 1030
Db     780 GTTTCATGCGTGCGTGAGGAGTCTGCCGTTGGGTTC-AGAGTGTTGAAAGAAAACCCTTC 838

Qy    1030 rPhePhe 1032
Db     839 GTTCTTT 845

RESULT 20
BU377259
LOCUS       BU377259                 880 bp    mRNA    linear   EST 28-NOV-2002
DEFINITION  603811228F1 CSEQCHN74 Gallus gallus cDNA clone ChEST798g7 5', mRNA
            sequence.
ACCESSION   BU377259
VERSION     BU377259.1  GI:25885260
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Gallus gallus (chicken)
  ORGANISM  Gallus gallus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Archosauria; Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae;
            Phasianinae; Gallus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 880)
  AUTHORS   Boardman,P.E., Sanz-Ezquerro,J., Overton,I.M., Burt,D.W., Bosch,E.,
            Fong,W.T., Tickle,C., Brown,W.R.A., Wilson,S.A. and Hubbard,S.J.
  TITLE     A Comprehensive Collection of Chicken cDNAs
  JOURNAL   Curr. Biol. 12 (22), 1965-1969 (2002)
  MEDLINE   22335534
   PUBMED   12445392
COMMENT     Contact: Simon Hubbard
            Department of Biomolecular Sciences
            University of Manchester Institute of Science and Technology
            (UMIST)
            PO Box 88, Manchester, M60 1QD, UK
            Tel: 01612008930
            Fax: 01612360409
            Email: Simon.Hubbard@umist.ac.uk.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..880
                     /organism="Gallus gallus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="Compton Line 15I"
                     /db_xref="taxon:9031"
                     /clone="ChEST798g7"
                     /sex="Female"
                     /dev_stage="adult"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="CSEQCHN74"
                     /note="Organ: kidney + adrenal; Vector: pBluescript II
                     KS(+); Site_1: EcoRI; Site_2: NotI; This normalized
                     library was constructed from 1 million independent clones.
                     cDNA synthesis was initiated using an oligo(dT) primer,
                     using methylated C in the first strand synthesis reaction.
                     Following this first strand reaction, double-stranded cDNA
                     was blunted, ligated to NotI adapters, digested with
                     EcoRI, size-selected, and cloned into the NotI and EcoRI
                     compatible sites of a custom modified MCS of the
                     pBluescript (KS+) vector. The library was normalized in 2
                     rounds using conditions adapted from Soares et al., PNAS
                     (1994) 91: 9228-9232 and Bonaldo et al., Genome Research 6
                     (1996): 791, except that a significantly longer
                     reannealing hybridization was used."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              3.61e-23    Length:        880
Score:                  481.50      Matches:       116
Percent Similarity:     61.51%      Conservative:  39
Best Local Similarity:  46.03%      Mismatches:    79
Query Match:            8.08%       Indels:        19
DB:                     5           Gaps:          4

US-10-044-692-2 (1-1132) x BU377259 (1-880)

Qy     881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
Db      96 AAAAACTTTATAGGCACTTTG---AAAGGACCCCTAGAGATGGCATTAGACATTTCTCAA 152

Qy     901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
Db     153 AGCTTAACAGAAAATAACTTCAAACTGGAGGATAATATNGTA------GTTTTGTCTATA 206

Qy     921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
Db     207 AACAGCCCCACG--------------------------------AATACATTCAAGTGA 233

Qy     941 GluVal-GlnSerAspTyrSer---------SerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSe 957
```

```
Db        234 GAAATTAGAAGGAGGTTTTGCATTGCCAGAGTGTTATGCCTTTACTTCTATCAGATCAAG 293

Qy        957 rLeuThrPheAsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyVa 977
              ||||:::||||||             ||||||:::||||||:::    ||||||      ||
Db        294 TCTTTCCTTCAATTCAAGTAGAATAGCTGGGAAAAACATGAAATGCAAATTGACTGCAGT 353

Qy        977 lLeuArgLeuLysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrVa 997
              ||||:::|||||||||||||   |||   ||||||||:::::||||||||||||||||
Db        354 CCTCAAACTGAAATGCCATCCTTTACTTCTTGACTTAAAGATCAACAGCCTTCAGACAGT 413

Qy        997 lCysThrAsnIleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLe 1017
              |      ||||||||||||||     |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        414 TCTAATTAACATCTACAAGATATTTTACTTCAGGCTTACAGGTTCCATGCCTGTGTTCT 473

Qy       1017 uGlnLeuProPheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSe 1037
              ||||||||||||:::|||:::|||          ||||||  ||||||||||||:::||||||
Db        474 TCAGCTTCCATTCAACCAGAAAGTTAGGAATAATCCTGATTTCTTCCTAAGGATCATCTC 533

Qy       1037 rAspThrAlaSerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGl 1057
              |||||||||||||    ||||||    ||||||||||||||||||     |||:::|||||||
Db        534 TGATACTGCTTCATGCTGCTATTTTATCCTGAAAGCTAAAAATCCAGGAGTTTCTTTAGG 593

Qy       1057 yAlaLysGlyAlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAl 1077
              |:::|||   |||:::|||   :::|||  ||||||   :::|||||||||:::    ||
Db        594 TAGCAAAGATGCATCTGGCAT-GTTCCCTTGAGGCAGCAGAATGGCTGTGCTACCATGC 652

Qy       1077 aPheLeuLeuLysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuAr 1097
              ||||:::::::||||||::::::   :::      :::                |||
Db        653 CTTCATTGTCAAACTGTCCAAACCACAAAAGTTATTTACAAATGCTTACTTAAGCCCTTA 712

Qy       1097 gThrAlaGlnThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAl 1117
                :::            |||      |||:::|||||       :::         |||
Db        713 AAGTCTATAGATGCATCTGTTGGCGAAGATCCCAGGGATACTTATGGGAACTGGTGAAGA 772

Qy       1117 aAlaAlaAsnProAlaLeuProSerAspPheLys 1128
                      |||:::|||      :::||||||
Db        773 CGGGACCGAACCATCGCTTGGTCCAGAATTCAAA 806
```

RESULT 21
CA380121

```
LOCUS       CA380121                 668 bp    mRNA    linear   EST 06-NOV-2002
DEFINITION  659344 NCCCWA 1RT Oncorhynchus mykiss cDNA clone 1RT49P11_B_H06 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   CA380121
VERSION     CA380121.1  GI:24701509
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Oncorhynchus mykiss (rainbow trout)
  ORGANISM  Oncorhynchus mykiss
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Euteleostei;
            Protacanthopterygii; Salmoniformes; Salmonidae; Oncorhynchus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 668)
  AUTHORS   Rexroad,C.E. 3rd, Lee,Y., Keele,J.W., Karamycheva,S., Brown,G.,
            Koop,B., Gahr,S.A., Palti,Y. and Quackenbush,J.
  TITLE     Sequence analysis of a rainbow trout cDNA library and creation of a
            gene index
  JOURNAL   Cytogenet. Genome Res. 102 (1-4), 347-354 (2003)
COMMENT     Contact: Rexroad CE
            USDA, ARS, National Center for Cool and Cold Water Aquaculture
            11876 Leetown Road, Kearneysville, WV 25430, USA
            Tel: 304 724 8340 x2129
            Fax: 304 725 0351
            Email: crexroad@ncccwa.ars.usda.gov
            Single pass sequencing. Bases called with phred v0.020425.c and
            trimmed with the aid of the trim_alt option. Vector identified by
            cross_match v0.990329.
            Seq primer: AGCGGATAACAATTTCACACAGGA.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..668
                     /organism="Oncorhynchus mykiss"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:8022"
                     /clone="1RT49P11_B_H06"
                     /tissue_type="pooled"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCCCWA 1RT"
                     /note="Vector: pCMV SPORT6; Site_1: NotI; Site_2: SalI;
                     Library made from pooled tissue from brain, gill, liver,
                     spleen, muscle, and kidney."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              4.57e-22      Length:         668
Score:                  463.00        Matches:        102
Percent Similarity:     58.19%        Conservative:   33
Best Local Similarity:  43.97%        Mismatches:     85
Query Match:            7.77%         Indels:         12
DB:                     6             Gaps:           4

US-10-044-692-2 (1-1132) x CA380121 (1-668)

Qy        451 LeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGlnValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArg 470
              ||||||    |||||||||:::|||     :::||||||    |||||||||    ||||||
Db          7 CTCCTGCCCCAGCACAGTGCACCTCACCGGGTGTACCTCTTTGTCAGAGAGTGCCTCAAC 66

Qy        471 ArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySerArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsn 490
                 :::||||||            |||||||||    ||||||         :::||||||
Db         67 GCGGTGGTCCCCTCGGAGTTCTGGGGGTCGGACCATAACCGATTCAAATTCCTGTCCGCA 126

Qy        491 ThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHisAlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrp 510
                 :::       |||:::|||:::||||||       ::::::||||||     ||||||  |||
Db        127 GTCAGGAACTTCCTGTCCATGGGCAAGTTTGAGAGGATGTCATTGGCTGAGCTGATGTGG 186

Qy        511 LysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeuArgArgSerProGlyValGlyCysValPro 530
              ||||||   |||    ||||||    ||||||:::     |||          |||    |||
Db        187 AAGATGAAGGTGAATGACTGTGATTGGCTGAAGATCAGCAAG---ACGGGCCGCTGCCCG 243

Qy        531 AlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIleLeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSer 550
                 :::|||       |||       :::|||    :::    |||    ||||||:::
Db        244 CCCAGTGAGCTGTCGTATCGGACGCGGGTGCTAGGCCAGCTCCTGGCTTGGCTGCTGGAT 303

Qy        551 ValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhePheTyrValThrGluThrThrPheGlnLys 570
                 ||||||:::    |||:::|||:::    ||||||||||||||:::        ||||||
Db        304 GGCTATGTGCTAGGCCTGGTGAGAGCTATGTTCTACGTCACAGAGAGCATGGGACAGAAG 363

Qy        571 AsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerValTrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArg 590
              |||    |||    |||||||||          ||||||:::|||||||||     :::
Db        364 AACGCACTGCGCTTCTACAGATACCAGGTCTGGGCCAAGCTGCAGGAGCTGGCTTTCAGT 423

Qy        591 GlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGluLeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArg 610
                 ||||||    :::    |||:::    ||||||:::    |||:::|||
Db        424 GGTCACCTCTCTAAAGGTCAGATGTCAGAGTTGACCCTGGCCCAGGTG---------ACG 474

Qy        611 GluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArgLeuArgPheIleProLysProAspGlyLeu 630
                       :::    |||||||||||||||||||||||||||||||     :::|||:::
Db        475 TCGCTCCCCAAAACCACTGTCCCCTCCCGCCTCCGCTTCATCCCCAAGACCGAAGGGATG 534

Qy        631 ArgProIleValAsnMetAspTyrValValGlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArg 650
              |||||||||                  |||:::||||||                 :::   :::
Db        535 AGACCCATCACACGG---------GTCATAGGGGCT---------------GACGCCAAA 570

Qy        651 AlaGluArgLeuThrSerArgValLysAlaLeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAla 670
                    :::|||||||||    |||          ||||||
Db        571 ACAAGGTTGTTCCAGACCCGTGTGAAGGAGCTGTTAGATGTGCTAGGTGTCTGTGTACGG 630

Qy        671 ArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerValLeuGly 682
                 |||    |||||||||::::::|||    |||
Db        631 TCCTCTCCCTCTCTCCTGGGCTCTACAGTGTGGGG 666
```

RESULT 22
BX889962

```
LOCUS       BX889962                 724 bp    mRNA    linear   EST 27-JUL-2004
DEFINITION  BX889962 tcbk Oncorhynchus mykiss cDNA clone tcbk0041c.i.20 5prim,
            mRNA sequence.
ACCESSION   BX889962
VERSION     BX889962.2  GI:43411444
```

```
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Oncorhynchus mykiss (rainbow trout)
  ORGANISM  Oncorhynchus mykiss
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Euteleostei;
            Protacanthopterygii; Salmoniformes; Salmonidae; Oncorhynchus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 724)
  AUTHORS   Govoroun,M., Guiguen,Y. and Le Gac,F.
  TITLE     Construction and primary characterization of normalized cDNA
            libraries in rainbow trout, Oncorhynchus mykiss
  JOURNAL   Unpublished (2003)
COMMENT     On Dec 18, 2003 this sequence version replaced gi:40140362.
            Contact: Guiguen Y
            INRA - SCRIBE
            Campus de beaulieu, RENNES cedex, 35042, France
            Tel: 02.23.48.50.09
            Fax: 02.23.48.50.20
            Email: Yann.Guiguen@beaulieu.rennes.inra.fr
            Sequence cleaned of vector, adaptator and repetitions. Contact us
            at sigenasupport@jouy.inra.fr to obtain the chromatogram of this
            sequence.
            Plate: 0041  row: i  column: 20
            Seq primer: M13R.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .724
                     /organism="Oncorhynchus mykiss"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:8022"
                     /clone="tcbk0041c.i.20"
                     /tissue_type="multi-tissues"
                     /dev_stage="from embryos to adults"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="tcbk"
                     /note="Vector: pT7T3D-pac; AGENAE Rainbow trout
                     multi-tissues - normalized + 2 subtractions; Clone
                     distribution : AGENAE Resource centre. Francois PIUMI,
                     Francois.Piumi@jouy.inra.fr, INRA, CEA Radiobiologie et
                     Etude du genome (LREG), Domaine de Vilvert, 78352,
                     Jouy-en-Josas cedex, FRANCE, +33 (0) 1.34.65.28.02, +33
                     (0) 1.34.65.22.73"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              1.35e-21      Length:         724
Score:                  457.00        Matches:        106
Percent Similarity:     58.47%        Conservative:   39
Best Local Similarity:  42.74%        Mismatches:     89
Query Match:            7.67%         Indels:         15
DB:                     5             Gaps:           5

US-10-044-692-2 (1-1132) x BX889962 (1-724)

Qy        486 ArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHisAlaLysLeuSerLeu 505
              :::||||||        :::    |||:::|||:::||||||      ::::::||||||
Db          2 AAATTCCTGTCCGCAGTCAGGAACTTCCTGTCCATGGGCAAGTTTGAGAGGATGTCATTG 61

Qy        506 GlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeuArgArgSerProGly 525
                 ||||||   |||||||||   |||   ||||||   ||||||:::   |||
Db         62 GCTGAGCTGATGTGGAAGATGAAGGTGAATGACTGTGATTGGCTGAAGATCAGCAAG--- 118

Qy        526 ValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIleLeuAlaLysPheLeu 545
                 |||      |||   :::|||         |||      :::|||   :::   |||
Db        119 ACAGGCCGCTGCCCGCCCAGTGAGCTGTCGTATCGGACGCGGGTGCTAGGCCAGCTCCTG 178

Qy        546 HisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhePheTyrValThrGlu 565
                 ||||||:::      ||||||:::   |||:::|||:::   ||||||||||||||
Db        179 GCTTGGCTGCTGGATGGCTATGTGCTAGGCCTGGTGAGAGCTATGTTCTACGTCACAGAG 238

Qy        566 ThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerValTrpSerLysLeuGln 585
              :::      |||||||||   |||   |||||||||      ||||||:::|||||||||
Db        239 AGCATGGGACAGAAGAACGCACTGCGCTTCTACAGATACCAGGTCTGGGCCAAGCTGCAG 298

Qy        586 SerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGluLeuSerGluAlaGlu 605
              :::               ||||||   :::   |||:::   ||||||:::   |||:::
Db        299 GAGCTGGCTTTCAGTGGTCACCTCTCTAAAGGTCAGATGTCAGAGTTGACCCTGGCCCAG 358

Qy        606 ValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArgLeuArgPheIlePro 625
              |||                        :::   ||||||||||||||||||||||||
Db        359 GTG---------ACGTCGCTCCCCAAAACCACTGTCCCCTCCCGCCTCCGCTTCATCCCC 409

Qy        626 LysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValValGlyAlaArgThrPhe 645
              |||   :::|||:::|||||||||                  |||:::||||||
Db        410 AAGACCGAAGGGATGAGACCCATCACACGG---------GTCATAGGGGCT--------- 451

Qy        646 ArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAlaLeuPheSerValLeu 665
                    :::   :::            :::|||||||||   |||      ||||||
Db        452 ------GACGCCAAAACAAGGTTGTTCCAGACCCGTGTGAAGGAGCTGTTAGATGTGCTA 505

Qy        666 AsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerValLeuGlyLeuAspAsp 685
                                |||   |||||||||::::::|||   ||||||   |||
Db        506 GGTGTCTGTGTACGGTCCTCTCCCTCTCTCCTGGGCTCTACAGTGTGGGGGTTGACCGAC 565

Qy        686 IleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGlnAspProProProGlu 705
              |||||||||      :::      :::         :::|||   |||
Db        566 ATCCACAGAGTCCTCTCTTCC------ATCACCCCTGCTCAGAAAGACAAACCACAGCGG 619

Qy        706 LeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIleProGlnAspArgLeu 725
              |||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||::::::|||   :::|||
Db        620 CTCTACTTTGTCAAGGTGGATGTGAGTGGGGCCTATGACAGTCTACCCAC-ACTCAGCTC 678

Qy        726 ThrGluValIleAlaSerIleIle 733
                 |||||||||      ::::::
Db        679 TTGGAGGTGATTGGTCANGTCCTG 702

RESULT 23
CA353864
LOCUS       CA353864               632 bp    mRNA    linear   EST 05-NOV-2002
DEFINITION  625469 NCCCWA 1RT Oncorhynchus mykiss cDNA clone 1RT74O12_C_H06 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   CA353864
VERSION     CA353864.1  GI:24599035
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Oncorhynchus mykiss (rainbow trout)
  ORGANISM  Oncorhynchus mykiss
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Euteleostei;
            Protacanthopterygii; Salmoniformes; Salmonidae; Oncorhynchus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 632)
  AUTHORS   Rexroad,C.E. 3rd, Lee,Y., Keele,J.W., Karamycheva,S., Brown,G.,
            Koop,B., Gahr,S.A., Palti,Y. and Quackenbush,J.
  TITLE     Sequence analysis of a rainbow trout cDNA library and creation of a
            gene index
  JOURNAL   Cytogenet. Genome Res. 102 (1-4), 347-354 (2003)
COMMENT     Contact: Rexroad CE
            USDA, ARS, National Center for Cool and Cold Water Aquaculture
            11876 Leetown Road, Kearneysville, WV 25430, USA
            Tel: 304 724 8340 x2129
            Fax: 304 725 0351
            Email: crexroad@ncccwa.ars.usda.gov
            Single pass sequencing. Bases called with phred v0.020425.c and
            trimmed with the aid of the trim_alt option. Vector identified by
            cross_match v0.990329.
            Seq primer: AGCGGATAACAATTTCACACAGGA.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .632
                     /organism="Oncorhynchus mykiss"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:8022"
                     /clone="1RT74O12_C_H06"
                     /tissue_type="pooled"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCCCWA 1RT"
                     /note="Vector: pCMV SPORT6; Site_1: NotI; Site_2: SalI;
                     Library made from pooled tissue from brain, gill, liver,
                     spleen, muscle, and kidney."
ORIGIN
```

```
Alignment Scores:
Pred. No.:              3.64e-21     Length:        632
Score:                  449.50       Matches:       102
Percent Similarity:     55.97%       Conservative:  34
Best Local Similarity:  41.98%       Mismatches:    68
Query Match:            7.54%        Indels:        40
DB:                     6            Gaps:          2

US-10-044-692-2 (1-1132) x CA353864 (1-632)

Qy        773 MetArgGlnPheValAlaHisLeuGlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIle 792
              |||:::   |||         ||||||            :::   ||||||::::::
Db         17 ATGAAAGGCTTTGAGATGTCGCTGCAAAGAGAGGGCAAAGTTCACGATGCCATACTGGGG 76

Qy        793 GluGlnSerSerSerLeuAsnGluAlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPhe 812
              ||||||     |||   :::              :::   :::|||       :::
Db         77 GAGCAGCATTTCTCCACAGATATTCATGGCAAAGACGTCTTGGAGGTCTTGACCCAGATG 136

Qy        813 MetCysHisHisAlaValArgIleArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIlePro 832
              :::               ::::::      ||||||:::   |||   ||||||||||||
Db        137 CTCTCTAGCTGAGTTGACCAGCTTGGGAAGAAATCGTTCCGTCAGGGTCAGGGGATTCCT 196

Qy        833 GlnGlySerIleLeuSerThrLeuLeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLys 852
              |||||||||       |||:::||||||         ||||||||||||   |||||||||
Db        197 CAGGGGTCCGCGGAGTCGTCTCTGCTGGGCTGCCTCTGTTACGGGCACATGGAGAACCTT 256

Qy        853 LeuPheAlaGlyIle---ArgArgAspGlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeu 871
              ||||||       :::      ||||||   |||   |||:::|||||||||   ||||||||||||
Db        257 CTGTTTCCTAACGTCAGACGGCGAGGAGGGTGTCTGATGAGACTGGATGACGATTTCCTC 316

Qy        872 LeuValThrProHisLeuThrHisAlaLysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyVal 891
              |||:::||||||   |||:::   |||:::|||||||||:::||||||:::   ||||||
Db        317 CTCATCACTCCTGACCTGAGCCAGGCACAGACCTTCCTCAAGACCCTGATGGCGGGGGTA 376

Qy        892 ProGluTyrGlyCysValValAsnLeuArgLysThrValValAsnPheProValGluAsp 911
              |||   ||||||||||||   |||   :::|||         ||||||||||||   :::
Db        377 CCACGGTACGGGTGTGTGGAGAACCCCCAGAAGGTGGCTGTTAACTTCCCTTT-GAC--- 432

Qy        912 GluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheValGlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCys 931

Db        432 ------------------------------------------------------------ 432

Qy        932 GlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeuGluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArg 951
                                                                    ||||||
Db        433 ---------------------------------------------------TACGCTGGC 441

Qy        952 ThrSerIleArgAlaSerLeuThrPheAsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArg 971
                 |||:::|||   |||||||||                  ||||||:::      :::
Db        442 CTATCCCTGCGCTACAGCCTGACGCTAGGCTCCGTCCACTGCGCGGGGCAGCAAACGAAG 501

Qy        972 ArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeuLysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnVal 991
              |||||||||      :::||||||   |||||||||:::||||||||||||||:::
Db        502 AGGAAGCTCATGTCCATTCTTAGATTCAAGTGCCACGCCCTCTTCCTGGACCTCAGAACC 561

Qy        992 AsnSerLeuGlnThrValCysThrAsnIleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArg 1011
              |||||||||:::      |||      :::|||:::|||||::::::|||||||||||:::|||
Db        562 AACTCCCTGAAGGCTGTCTATAGCAACGTCTACAAGTTAGTGTTGCTGCAGGCGTTCAGG 621

Qy       1012 PheHisAla 1014
              |||||||||
Db        622 TTCCATGCC 630

RESULT 24
BE396925
LOCUS       BE396925                 715 bp    mRNA    linear   EST 21-JUL-2000
DEFINITION  601290610F1 NIH_MGC_8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3621050 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   BE396925
VERSION     BE396925.1  GI:9342290
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 715)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Louis M. Staudt, M.D., Ph.D.
             cDNA Library Preparation: Ling Hong/Rubin Laboratory
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Incyte Genomics, Inc.
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at: image.llnl.gov
            Plate: LLCM294  row: c  column: 03
            High quality sequence stop: 634.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..715
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:3621050"
                     /tissue_type="Burkitt lymphoma"
                     /lab_host="DH10B (phage-resistant)"
                     /clone_lib="NIH_MGC_8"
                     /note="Organ: lymph; Vector: pOTB7; Site_1: XhoI; Site_2:
                     EcoRI; cDNA made by oligo-dT priming.  Directionally
                     cloned into EcoRI/XhoI sites using the following 5'
                     adaptor: GGCACGAG(G).  Size-selected >500bp for average
                     insert size 1.8kb.  Library constructed by Ling Hong in
                     the laboratory of Gerald M. Rubin (University of
                     California, Berkeley) using  ZAP-cDNA synthesis kit
                     (Stratagene) and Superscript II RT (Life Technologies)."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              1.15e-20     Length:        715
Score:                  443.50       Matches:       98
Percent Similarity:     90.09%       Conservative:  2
Best Local Similarity:  88.29%       Mismatches:    6
Query Match:            7.44%        Indels:        5
DB:                     2            Gaps:          1

US-10-044-692-2 (1-1132) x BE396925 (1-715)

Qy        525 GlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIleLeuAlaLysPhe 544
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        373 GGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTC 432

Qy        545 LeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhePhe-TyrValTh 564
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Db        433 CTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTATATGTCAC 492

Qy        564 rGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerValTrpSerLysLe 584
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        493 GGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTT 552

Qy        584 uGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGluLeu-SerGluA 604
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Db        553 GCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTAGTCGGAAG 612

Qy        604 laGluValArgGlnHisArg--GluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArgLeuArgPh 623
              ||||||||||||||||||||   :::|||||||||   ||||||||||||
Db        613 CAGAGGTCAGGCAGCATCGGGGAAAGCCAGGCCCTGCCTGCTGACGTCCAAC---TCCGT 669

Qy        623 eIleProLysProAspGlyLeuArg 631
                ||||||   :::|||||||||
Db        670 TCATCCCAAAGCTGAAGGGCTGCGG 694

RESULT 25
BX886589
LOCUS       BX886589                 703 bp    mRNA    linear   EST 27-JUL-2004
DEFINITION  BX886589 tcbk Oncorhynchus mykiss cDNA clone tcbk0036c.p.02 5prim,
```

```
            mRNA sequence.
ACCESSION   BX886589
VERSION     BX886589.2  GI:42819050
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Oncorhynchus mykiss (rainbow trout)
  ORGANISM  Oncorhynchus mykiss
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Euteleostei;
            Protacanthopterygii; Salmoniformes; Salmonidae; Oncorhynchus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 703)
  AUTHORS   Govoroun,M., Guiguen,Y. and Le Gac,F.
  TITLE     Construction and primary characterization of normalized cDNA
            libraries in rainbow trout, Oncorhynchus mykiss
  JOURNAL   Unpublished (2003)
COMMENT     On Dec 18, 2003 this sequence version replaced gi:40135983.
            Contact: Guiguen Y
            INRA - SCRIBE
            Campus de beaulieu, RENNES cedex, 35042, France
            Tel: 02.23.48.50.09
            Fax: 02.23.48.50.20
            Email: Yann.Guiguen@beaulieu.rennes.inra.fr
            Sequence cleaned of vector, adaptator and repetitions. Contact us
            at sigenasupport@jouy.inra.fr to obtain the chromatogram of this
            sequence.
            Plate: 0036  row: p  column: 2
            Seq primer: M13R.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..703
                     /organism="Oncorhynchus mykiss"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:8022"
                     /clone="tcbk0036c.p.02"
                     /tissue_type="multi-tissues"
                     /dev_stage="from embryos to adults"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="tcbk"
                     /note="Vector: pT7T3D-pac; AGENAE Rainbow trout
                     multi-tissues - normalized + 2 subtractions; Clone
                     distribution : AGENAE Resource centre. Francois PIUMI,
                     Francois.Piumi@jouy.inra.fr, INRA, CEA Radiobiologie et
                     Etude du genome (LREG), Domaine de Vilvert, 78352,
                     Jouy-en-Josas cedex, FRANCE, +33 (0) 1.34.65.28.02, +33
                     (0) 1.34.65.22.73"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              3.17e-20       Length:         703
Score:                  437.00         Matches:        95
Percent Similarity:     64.29%         Conservative:   31
Best Local Similarity:  48.47%         Mismatches:     70
Query Match:            7.33%          Indels:         1
DB:                     5              Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BX886589 (1-703)

Qy        935 LeuAspThrArgThrLeuGluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIle 954
              |||:::|||   ||||||:::|||      :::|||:::||||||||     |||:::
Db          1 CTGAATACACACACCCTGGACGTCTA-CACAACTACGCCAGCTACGCTGGCCTATCCCTG 59

Qy        955 ArgAlaSerLeuThrPheAsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeu 974
              |||   |||||||||                 ||||||:::   |||:::|||||||||
Db         60 CGCTACAGCCTGACGCTAGGCTCCGCCCACTGCGCGGGGCAGCAAATGAAGAGGAAGCTC 119

Qy        975 PheGlyValLeuArgLeuLysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeu 994
                    :::||||||   |||||||||:::||||||||||||||||:::   |||||||||
Db        120 ATGTCCATCCTTAGATTCAAGTGCCACGCCCTCTTCCTGGACCTCAAAACCAACTCCCTG 179

Qy        995 GlnThrValCysThrAsnIleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAla 1014
              :::   |||   :::|||:::||||||::::::||||||||||||:::||||||||||||
Db        180 GAGGCTGTCTATAGCAACGTCTATAAGTTAGTGTTGCTGCAGGCGTTCAGGTTCCATGCC 239

Qy       1015 CysValLeuGlnLeuProPheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArg 1034
              |||         |||||||||   |||:::|||      |||   ::::::||||||
Db        240 TGTGCACAGAGTTTGCCGTTTGGTCAGAAAGTGGGCGGAAACCACTCGTACTTCCTCAAT 299

Qy       1035 ValIleSerAspThrAlaSerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMet 1054
              :::|||   |||   |||                   :::::::::      |||   |||:::
Db        300 CTGATCTGGGACTTGGCGGAGTACACCAACCATCTAGTCAGACTCTGCAACAAAGGTGTG 359

Qy       1055 SerLeuGlyAlaLysGlyAlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCys 1074
              |||||||||   |||               |||   |||      |||||||||:::   :::
Db        360 TCTCTAGGCTGTAAGGCTTTAACAGGTAGCCTTCAGTATGAGGCAGTAGAACTGATATAC 419

Qy       1075 HisGlnAlaPheLeuLeuLysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGly 1094
                    ||||||||||||   |||:::|||||||||         |||      ||||||
Db        420 TGTCTGGCCTTCCTGTTGGTTCTGTCCCGTCATCGCCCCCTCTACTACCATCTCCTCGCT 479

Qy       1095 SerLeuArgThrAlaGlnThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAla 1114
                 |||||||||   :::   :::|||      ||||||   |||      |||
Db        480 CCGCTACGCACACGTAAGAGGAAGCTGGAGGGGAAGCTGGAGGGTTTGAGATTGGCCCGA 539

Qy       1115 LeuGluAlaAlaAlaAsnProAlaLeuProSerAspPheLysThrIle 1130
              :::      ||||||   |||   :::|||   |||||||||   |||
Db        540 ATCAGACAGGCTGCCACACCCAAAATGCCTGAAGACTTCAAGGCCATC 587

RESULT 26
CF531258
LOCUS       CF531258                 344 bp    mRNA    linear   EST 12-SEP-2003
DEFINITION  UI-M-FY0-cgp-h-01-0-UI.r1 NIH_BMAP_FY0 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:30355848 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CF531258
VERSION     CF531258.1  GI:34583222
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 344)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Dr. Jim Lin, University of Iowa
             cDNA Library preparation: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             cDNA Library Arrayed by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             DNA Sequencing by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             Clone Distribution: Distribution information can be found at
            http://genome.uiowa.edu/distribution/mousefl.html
             This clone was contributed by the Brain Molecular Anatomy Project
            (BMAP)
            Seq primer: pYX-5.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..344
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:30355848"
                     /tissue_type="whole brain"
                     /dev_stage="embryo 13.5,14.5,16.5,17.5dpc"
                     /lab_host="DH10B (T1 phage resistant)"
                     /clone_lib="NIH_BMAP_FY0"
                     /note="Organ: Brain; Vector: pYX- Asc; Site_1: EcoR I;
                     Site_2: Not I; The library was constructed according
                     Bonaldo, Lennon and Soares, Genome Research, 6:791-806,
                     1996. Denatured RNA was size fractionated on a 1% agarose
                     gel. First strand cDNA synthesis was primed with oligo-dT
                     primer containing a Not I site. Double strand cDNA was
                     size selected according to mRNA size fraction, ligated
                     with EcoR I adaptor, digested with NotI and then cloned
                     directionally into pYX-Asc vector. The library tag
                     sequence located between the Not I site and the polyA tail
                     is AGCGAGACAG. This library was created for the University
                     Iowa Brain Anatomy Project (BMAP): 'Gene Discovery in the
                     Developing Mouse Nervous System', supported by National
```

```
              Institute of Mental Health (NIMH), Hemin Chin, Ph.D.,
              program coordinator."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              1.25e-20        Length:         344
Score:                  436.00          Matches:        85
Percent Similarity:     79.82%          Conservative:   6
Best Local Similarity:  74.56%          Mismatches:     23
Query Match:            7.31%           Indels:         0
DB:                     7               Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x CF531258 (1-344)

Qy        904 ValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheValGlnMetPro 923
              ||||||||||||||||||||            ||||||||   |||      |||:::|||
Db          1 GTGGTGAACTTCCCTGTGGAGCCTGGTACCCTGGGTGGTGCAGCTCCATACCAGCTGCCT 60

Qy        924 AlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeuGluValGln 943
              |||||  |||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||
Db         61 GCTCACTGCCTGTTTCCCTGGTGTGGCTTGCTGCTGGACACTCAGACTTTGGAGGTGTTC 120

Qy        944 SerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPheAsnArgGly 963
                 |||||||||   ||||||:::||||||||||:::   ||||||||||||
Db        121 TGTGACTACTCAGGTTATGCCCAGACCTCAATTAAGACGAGCCTCACCTTCCAGAGTGTC 180

Qy        964 PheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeuLysCysHis 983
              ||||||||||||:::   ||||||   ||||||      ||||||||||||||||||||
Db        181 TTCAAAGCTGGGAAGACCATGCGGAACAAGCTCCTGTCGGTCTTGCGGTTGAAGTGTCAC 240

Qy        984 SerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsnIleTyrLys 1003
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||       ||||||
Db        241 GGTCTATTTCTAGACTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACAGTCTGCATCANTATATACANG 300

Qy       1004 IleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeu 1017
              |||   |||||||||||||||||||||||||||||||||:::
Db        301 ATCTTCCTGCTTCAGGCCTACAGGTTCCATGCATGTGTGATT 342

RESULT 27
AA311750
LOCUS       AA311750                409 bp    mRNA    linear   EST 19-APR-1997
DEFINITION  EST182469 Jurkat T-cells VI Homo sapiens cDNA 5' end, mRNA
            sequence.
ACCESSION   AA311750
VERSION     AA311750.1  GI:1964077
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 409)
  AUTHORS   Adams,M.D., Kerlavage,A.R., Fleischmann,R.D., Fuldner,R.A.,
            Bult,C.J., Lee,N.H., Kirkness,E.F., Weinstock,K.G., Gocayne,J.D.,
            White,O., Sutton,G., Blake,J.A., Brandon,R.C., Man-Wai,C.,
            Clayton,R.A., Cline,T.R., Cotton,M.D., Earle-Hughes,J., Fine,L.D.,
            Fitzgerald,L.M., Fitzhugh,W.M., Fritchman,J.L., Geoghagen,N.S.,
            Glodek,A., Gnehm,C.L., Hanna,M.C., Hedblom,E., Hinkle,P.S.Jr.,
            Kelley,J.M., Kelley,J.C., Liu,L.-I., Marmaros,S.M., Merrick,J.M.,
            Moreno-Palanques,R.F., McDonald,L.A., Nguyen,D.T., Pelligrino,S.M.,
            Phillips,C.A., Ryder,S.E., Scott,J.L., Saudek,D.M., Shirley,R.,
            Small,K.V., Spriggs,T.A., Utterback,T.R., Weidman,J.F., Li,Y.,
            Bednarik,D.P., Cao,L., Cepeda,M.A., Coleman,T.A., Collins,E.J.,
            Dimke,D., Feng,D.-F., Ferrie,A., Fischer,C., Hastings,G.A.,
            He,W.W., Hu,J.S., Greene,J.M., Gruber,J., Hudson,P., Kim,A.K.,
            Kozak,D.L., Kunsch,C., Hungjun,J., Li,H., Meissner,P.S., Olsen,H.,
            Raymond,L., Wei,Y.F., Wing,J., Xu,C., Yu,G.L., Ruben,S.M.,
            Dillion,P.J., Fannon,M.R., Rosen,C.A., Haseltine,W.A., Fields,C.,
            Fraser,C.M. and Venter,J.C.
  TITLE     Initial assessment of human gene diversity and expression patterns
            based upon 83 million nucleotides of cDNA sequence
  JOURNAL   Nature 377 (6547 Suppl), 3-174 (1995)
  MEDLINE   96026280
   PUBMED   7566098
COMMENT     Contact: Kerlavage, AR
            Bioinformatics
            The Institute for Genomic Research
            9712 Medical Center Drive, Rockville, MD 20850 USA
            Tel: 3018699056
            Fax: 3018699423
            Email: arkerlav@tigr.org
            For clone availability, additional sequence and expression
            information related to this EST, please check the TIGR Human Gene
            Index (http://www.tigr.org/tdb/hgi/hgi.html)
            Seq primer: M13 Reverse.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .409
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="ATCC (inhost):158964"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /cell_type="T-lymphocyte"
                     /clone_lib="Jurkat T-cells VI"
                     /note="Vector: pBluescript SK-; Site_1: EcoRI; Site_2:
                     XhoI"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              9.44e-20        Length:         409
Score:                  425.00          Matches:        80
Percent Similarity:     97.56%          Conservative:   0
Best Local Similarity:  97.56%          Mismatches:     2
Query Match:            7.13%           Indels:         0
DB:                     1               Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AA311750 (1-409)

Qy        866 LeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAlaLysThrPheLeuArg 885
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3 TTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAACCTTCCTCAGG 62

Qy        886 ThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeuArgLysThrValVal 905
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         63 ACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAGTGGTG 122

Qy        906 AsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheValGlnMetProAlaHis 925
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||
Db        123 AACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTNTTCAGATGCCGGCCCAC 182

Qy        926 GlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeuGluValGlnSerAsp 945
              |||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        183 GGCNTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGCGAC 242

Qy        946 TyrSer 947
              ||||||
Db        243 TACTCC 248

RESULT 28
BE396606
LOCUS       BE396606                679 bp    mRNA    linear   EST 21-JUL-2000
DEFINITION  601289077F1 NIH_MGC_8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3619674 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   BE396606
VERSION     BE396606.1  GI:9341882
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 679)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Louis M. Staudt, M.D., Ph.D.
             cDNA Library Preparation: Ling Hong/Rubin Laboratory
```

```
            cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
            DNA Sequencing by: Incyte Genomics, Inc.
            Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at: image.llnl.gov
            Plate: LLCM290  row: i  column: 19
            High quality sequence start: 2
            High quality sequence stop: 656.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..679
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:3619674"
                     /tissue_type="Burkitt lymphoma"
                     /lab_host="DH10B (phage-resistant)"
                     /clone_lib="NIH_MGC_8"
                     /note="Organ: lymph; Vector: pOTB7; Site_1: XhoI; Site_2:
                     EcoRI; cDNA made by oligo-dT priming.  Directionally
                     cloned into EcoRI/XhoI sites using the following 5'
                     adaptor: GGCACGAG(G).  Size-selected >500bp for average
                     insert size 1.8kb.  Library constructed by Ling Hong in
                     the laboratory of Gerald M. Rubin (University of
                     California, Berkeley) using  ZAP-cDNA synthesis kit
                     (Stratagene) and Superscript II RT (Life Technologies)."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.05e-19        Length:         679
Score:                  425.00          Matches:        89
Percent Similarity:     96.74%          Conservative:   0
Best Local Similarity:  96.74%          Mismatches:     1
Query Match:            7.13%           Indels:         2
DB:                     2               Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BE396606 (1-679)

Qy        525 GlyValGlyCysValProAla-AlaGluHisArgLeuArgGluGluIleLeuAlaLysPh 544
              |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        372 GGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCTGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTT 431

Qy        544 eLeuHisTrp-LeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhePheTyrValT 564
              ||||||    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        432 CCTGCACTGTGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCA 491

Qy        564 hrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerValTrpSerLysL 584
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        492 CGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGT 551

Qy        584 euGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGluLeuSerGluA 604
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        552 TGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAG 611

Qy        604 laGluValArgGlnHisArgGluAlaArgPro 614
              ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        612 CAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCG 643

RESULT 29
BU111946
LOCUS       BU111946               835 bp    mRNA    linear   EST 25-NOV-2002
DEFINITION  603127372F1 CSEQCHL13 Gallus gallus cDNA clone ChEST98p18 5', mRNA
            sequence.
ACCESSION   BU111946
VERSION     BU111946.1  GI:25315846
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Gallus gallus (chicken)
  ORGANISM  Gallus gallus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Archosauria; Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae;
            Phasianinae; Gallus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 835)
  AUTHORS   Boardman,P.E., Sanz-Ezquerro,J., Overton,I.M., Burt,D.W., Bosch,E.,
            Fong,W.T., Tickle,C., Brown,W.R.A., Wilson,S.A. and Hubbard,S.J.
  TITLE     A Comprehensive Collection of Chicken cDNAs
```

```
  JOURNAL   Curr. Biol. 12 (22), 1965-1969 (2002)
  MEDLINE   22335534
   PUBMED   12445392
COMMENT     Contact: Simon Hubbard
            Department of Biomolecular Sciences
            University of Manchester Institute of Science and Technology
            (UMIST)
            PO Box 88, Manchester, M60 1QD, UK
            Tel: 01612008930
            Fax: 01612360409
            Email: Simon.Hubbard@umist.ac.uk.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..835
                     /organism="Gallus gallus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="White Leghorn, Hisex"
                     /db_xref="taxon:9031"
                     /clone="ChEST98p18"
                     /dev_stage="22"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="CSEQCHL13"
                     /note="Organ: limbs; Vector: pBluescript II KS(+); Site_1:
                     EcoRI; Site_2: Not1; Modification of pBluescript II KS(+)
                     [Stratagene] vector to accommodate cDNA produced with the
                     T-trimmed protocol (Construction of uni-directionally
                     cloned cDNA libraries from messenger RNA for improved 3'
                     end DNA sequencing by Glenn Fu, et al. U.S. Patent #
                     6,387,624). Cut pBluescript II KS(+) with NotI and EcoRI.
                     Ligate in double stranded adaptor containing BsgI and
                     BamHI sites [5'ggccgcgtgcagccccggatccgaaaaaaag]
                     [5'aattcttttttcggatccggggctgcacgc]"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              3.3e-19         Length:         835
Score:                  424.00          Matches:        107
Percent Similarity:     50.90%          Conservative:   34
Best Local Similarity:  38.63%          Mismatches:     74
Query Match:            7.11%           Indels:         63
DB:                     5               Gaps:           2

US-10-044-692-2 (1-1132) x BU111946 (1-835)

Qy        592 HisLeuLysArgValGlnLeuArgGluLeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGlu 611
              |||      :::|||   ||||||    ||||||         |||:::         |||:::
Db        184 CATTTTGCCAAAGTACATCTACGTGCCTTGTCTTCAGAGGAGATGGAAGTGATCCGTCAA 243

Qy        612 AlaArgProAlaLeuLeuThrSerArgLeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArg 631
                 :::      :::   |||||||||||||||||||||   :::|||||||||
Db        244 AAAAAGTATTTTCCTATTGCATCAAGGCTCCGGTTCATTCCTAAAATGAATGGTTTAAGA 303

Qy        632 ProIleValAsnMetAspTyrValValGlyAla-ArgThrPheArgArgGluLysArgAl 651
              |||:::|||   :::      ||||||      |||            |||      |||
Db        304 CCCGTAGTAAGACTAAGCCGTGTTGTTGAAGGACAGAAACTCAGCAAGGAACAGCAGAGA 363

Qy        651 aGluArgLeuThrSerArgValLysAlaLeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaAr 671
               :::
Db        364 AAAG-------------------------------------------------------- 367

Qy        671 gArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerValLeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpAr 691

Db        367 ------------------------------------------------------------ 367

Qy        691 gThrPheValLeuArgValArgAlaGlnAspProProProGluLeuTyrPheValLysVa 711
                                                                      |||
Db        368 ---------------------------------------------------------AAGGG 372

Qy        711 lAspValThrGlyAlaTyrAspThrIleProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSe 731
                ||||||:::   |||:::||||||||||||         :::|||   ||||||||:::
Db        373 TGATGTATCCAGAGCTTTGATACCATTCCTCACAAGAAACTTGTGGAAGTGATATCACA 432

Qy        731 rIleIleLysPro------GlnAsnThrTyrCysValArgArgTyrAlaValValGlnLy 749
                ::::::||||||      |||      |||   :::|||   |||||||||:::
```

```
Db        433 GGTCTTGAAACCTGAGAGCCAAACTGTCTATGGAATAAGGTGGTATGCAGTGATTATGAT 492

Qy        749 sAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLysSerHisValSerThrLeuThrAspLe 769
                      |||      ||||||    :::|||  ||||||||||||      |||
Db        493 TACCCCAACTGGAAAAGCCAGGAAACTCTATAAGAGACATGTTTCTACTTTCGAGGATTT 552

Qy        769 uGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeuGlnGluThrSerProLeuArgAspAl 789
                 |||   |||:::||||||||||:::   ||||||||     :::   ||||||:::||
Db        553 TATTCCAGACATGAAGCAGTTTGTGTCCAAGCTTCAAGAGCGAACTTCATTACGAAATGC 612

Qy        789 aValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGluAlaSerSerGlyLeuPheAspValPh 809
              |:::|||:::||||||         :::    ||||||  ||||||   ||||||      ||
Db        613 AATAGTAGTTGAACAGTGCTTAACTTTTAATGAGAACAGTTCCACCCTGTTTACTTTCTT 672

Qy        809 eLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIleArgGlyLysSerTyrValGlnCysGl 829
               ||||:::   :::   ::::::   :::   |||       :::     |||:::||||||
Db        673 TCTTCAAATGTTACATAATAACATCCTGGAGATTGGGCACAGGTACTATATACAGTGCTC 732

Qy        829 nGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeuLeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMe 849
                |||||||||||||||||||||         ||||||||||||||||||||||||||||||
Db        733 TGGAATCCCACAGGGCTCCATTTGTC--AACTTACTTTGCAGCTTATGCTACGGAGACAT 790

Qy        849 tGluAsn-LysLeu-PheAlaGlyIleArgArgAspGlyLeuLeu 863
               |||||| ||||||       ||||||::::::||||||   |||
Db        791 GGAAAACCAAATTAACTCTGTGGGATCCAGAAGGATGGGAGTCTA 835
```

```
RESULT 30
BE514070
LOCUS       BE514070                 649 bp    mRNA    linear   EST 07-AUG-2000
DEFINITION  601316575F1 NIH_MGC_8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3634962 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   BE514070
VERSION     BE514070.1  GI:9721282
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 649)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Louis M. Staudt, M.D., Ph.D.
             cDNA Library Preparation: Ling Hong/Rubin Laboratory
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Incyte Genomics, Inc.
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at: image.llnl.gov
            Plate: LLCM330  row: f  column: 19
            High quality sequence stop: 628.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..649
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:3634962"
                     /tissue_type="Burkitt lymphoma"
                     /lab_host="DH10B (phage-resistant)"
                     /clone_lib="NIH_MGC_8"
                     /note="Organ: lymph; Vector: pOTB7; Site_1: XhoI; Site_2:
                     EcoRI; cDNA made by oligo-dT priming.  Directionally
                     cloned into EcoRI/XhoI sites using the following 5'
                     adaptor: GGCACGAG(G).  Size-selected >500bp for average
                     insert size 1.8kb.  Library constructed by Ling Hong in
                     the laboratory of Gerald M. Rubin (University of
                     California, Berkeley) using  ZAP-cDNA synthesis kit
                     (Stratagene) and Superscript II RT (Life Technologies)."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              3.09e-19       Length:        649
Score:                  422.00         Matches:       87
Percent Similarity:     95.74%         Conservative:  3
Best Local Similarity:  92.55%         Mismatches:    2
Query Match:            7.08%          Indels:        2
DB:                     2              Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BE514070 (1-649)

Qy        525 GlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIleLeuAlaLysPhe 544
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        368 GGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTC 427

Qy        545 Leu-HisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhePheTyrValTh 564
              |||  :::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        428 CTGCAACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCAC 487

Qy        564 rGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeu-PhePheTyrArgLysSerValTrpSerLysL 584
               |||||||||||||||||||||||||||  |||:::|||||||||||||||||||||||||
Db        488 GGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTACTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGT 547

Qy        584 euGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGluLeuSerGluA 604
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        548 TGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAG 607

Qy        604 laGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeu 616
              ||||||||||||||||||||||||     |||   :::
Db        608 CAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCAGGCCCGCTGATG 645
```

```
RESULT 31
BE514188
LOCUS       BE514188                 610 bp    mRNA    linear   EST 07-AUG-2000
DEFINITION  601316376F1 NIH_MGC_8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3634987 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   BE514188
VERSION     BE514188.1  GI:9721400
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 610)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Louis M. Staudt, M.D., Ph.D.
             cDNA Library Preparation: Ling Hong/Rubin Laboratory
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Incyte Genomics, Inc.
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at: image.llnl.gov
            Plate: LLCM330  row: g  column: 20
            High quality sequence stop: 610.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..610
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:3634987"
                     /tissue_type="Burkitt lymphoma"
                     /lab_host="DH10B (phage-resistant)"
                     /clone_lib="NIH_MGC_8"
                     /note="Organ: lymph; Vector: pOTB7; Site_1: XhoI; Site_2:
                     EcoRI; cDNA made by oligo-dT priming.  Directionally
                     cloned into EcoRI/XhoI sites using the following 5'
                     adaptor: GGCACGAG(G).  Size-selected >500bp for average
                     insert size 1.8kb.  Library constructed by Ling Hong in
                     the laboratory of Gerald M. Rubin (University of
                     California, Berkeley) using  ZAP-cDNA synthesis kit
                     (Stratagene) and Superscript II RT (Life Technologies)."
ORIGIN
```

```
Alignment Scores:
Pred. No.:              1.63e-18      Length:         610
Score:                  411.00        Matches:        80
Percent Similarity:     100.00%       Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%       Mismatches:     0
Query Match:            6.89%         Indels:         0
DB:                     2             Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BE514188 (1-610)

Qy        525 GlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIleLeuAlaLysPhe 544
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        369 GGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTC 428

Qy        545 LeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhePheTyrValThr 564
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        429 CTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACG 488

Qy        565 GluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerValTrpSerLysLeu 584
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        489 GAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTG 548

Qy        585 GlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGluLeuSerGluAla 604
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        549 CAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGCA 608

RESULT 32
BU139751
LOCUS       BU139751                 696 bp    mRNA    linear   EST 25-NOV-2002
DEFINITION  603134527F1 CSEQCHL24 Gallus gallus cDNA clone ChEST116f8 5', mRNA
            sequence.
ACCESSION   BU139751
VERSION     BU139751.1  GI:25354188
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Gallus gallus (chicken)
  ORGANISM  Gallus gallus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Archosauria; Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae;
            Phasianinae; Gallus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 696)
  AUTHORS   Boardman,P.E., Sanz-Ezquerro,J., Overton,I.M., Burt,D.W., Bosch,E.,
            Fong,W.T., Tickle,C., Brown,W.R.A., Wilson,S.A. and Hubbard,S.J.
  TITLE     A Comprehensive Collection of Chicken cDNAs
  JOURNAL   Curr. Biol. 12 (22), 1965-1969 (2002)
   MEDLINE  22335534
    PUBMED  12445392
COMMENT     Contact: Simon Hubbard
            Department of Biomolecular Sciences
            University of Manchester Institute of Science and Technology
            (UMIST)
            PO Box 88, Manchester, M60 1QD, UK
            Tel: 01612008930
            Fax: 01612360409
            Email: Simon.Hubbard@umist.ac.uk.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..696
                     /organism="Gallus gallus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="White Leghorn, Hisex"
                     /db_xref="taxon:9031"
                     /clone="ChEST116f8"
                     /dev_stage="16 day embryo"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="CSEQCHL24"
                     /note="Organ: brain; Vector: pBluescript II KS(+); Site_1:
                     EcoRI; Site_2: Notl; Modification of pBluescript II KS(+)
                     [Stratagene] vector to accommodate cDNA produced with the
                     T-trimmed protocol (Construction of uni-directionally
                     cloned cDNA libraries from messenger RNA for improved 3'
                     end DNA sequencing by Glenn Fu, et al. U.S. Patent #
                     6,387,624). Cut pBluescript II KS(+) with NotI and EcoRI.
                     Ligate in double stranded adaptor containing BsgI and
                     BamHI sites [5'ggccgcgtgcagccccggatccgaaaaaaag]
                     [5'aattcttttttcggatccggggctgcacgc]"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.39e-17      Length:         696
Score:                  395.50        Matches:        85
Percent Similarity:     64.74%        Conservative:   27
Best Local Similarity:  49.13%        Mismatches:     58
Query Match:            6.63%         Indels:         3
DB:                     5             Gaps:           2

US-10-044-692-2 (1-1132) x BU139751 (1-696)

Qy          9 AlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGluValLeuProLeuAlaThrPheVal 28
              ||||||         |||||    |||   |||     |||||     |||||
Db         72 GCGGTCCTGGGCGCGCTGCGGGGCTGCTACGCCGAGGCCACGCCGCTGGAGGCCTTCGTC 131

Qy         29 ArgArgLeu------GlyProGlnGlyTrpArgLeuValGlnArgGlyAspProAla--- 45
              |||||||||       |||            |||   ||||||||   |||
Db        132 CGGCGGCTGCAGGAGGGTGGCACCGGGGAGGTCGAGGTGCTGCGAGGCGACGACGCTCAG 191

Qy         46 AlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrpAspAlaArgProPro 65
                 :::|||      |||:::|||||:::|||||||||||        |||||
Db        192 TGCTACCGGACCTTCGTGTCGCAGTGCGTGGTGTGCGTCCCCCGCGGTGCTCGCGCCATC 251

Qy         66 ProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeuValAlaArgValLeu 85
              |||            |||:::|||:::|||          |||::::::   |||::::::
Db        252 CCCCGGCCCATCTGCTTCCAGCAGTTATCCAGTCAGAGCGAAGTCATCACAAGAATCGTT 311

Qy         86 GlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGlyPheAlaLeuLeuAsp 105
              |||||||||||||||:::         ||||||:::||||||:::|||::::::||||||||
Db        312 CAGAGGCTGTGTGAAAAGAAAAAGAAGAACATCCTTGCGTATGGATACTCCTTGCTGGAT 371

Qy        106 GlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArgSerTyrLeuProAsn 125
                                       ::::::   :::      ||||||||   |||
Db        372 GAGAACAGTTGTCACTTCAGAGTTTGCCATCTTCGTGTATATACAGCTATCTGTCCAAT 431

Qy        126 ThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeuLeuArgArgValGly 145
              |||||||||:::   :::|||   ||||||   |||      :::||||||   |||:::|||
Db        432 ACTGTAACAGAAACGATTCGCATCAGTGGCCTCTGGGAGATACTGCTGAGTAGGATAGGG 491

Qy        146 AspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheValLeuValAlaProSer 165
              |||||||||:::::::::||||||      ||||||||||||:::||||||   ||||||
Db        492 GACGACGTGATGATGTACCTGCTGGAGCACTGTGCACTCTTCATGCTGGTTCCCCCAAGT 551

Qy        166 CysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeu 178
                    ||||||||||||||   |||:::|||:::|||
Db        552 AACTGTTACCAGGTCTGCGGGCAACCAATTTATGAACTT 590

RESULT 33
BY783093
LOCUS       BY783093                 343 bp    mRNA    linear   EST 23-MAR-2004
DEFINITION  BY783093 RIKEN full-length enriched, 17.5 days embryo whole body
            Mus musculus cDNA clone L930172A03 5', mRNA sequence.
ACCESSION   BY783093
VERSION     BY783093.1  GI:39709732
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 343)
  AUTHORS   Carninci,P., Waki,K., Shiraki,T., Konno,H., Shibata,K., Itoh,M.,
            Aizawa,K., Arakawa,T., Ishii,Y., Sasaki,D., Bono,H., Kondo,S.,
            Sugahara,Y., Saito,R., Osato,N., Fukuda,S., Sato,K., Watahiki,A.,
            Hirozane-Kishikawa,T., Nakamura,M., Shibata,Y., Yasunishi,A.,
            Kikuchi,N., Yoshiki,A., Kusakabe,M., Gustincich,S., Beisel,K.,
            Pavan,W., Aidinis,V., Nakagawara,A., Held,W.A., Iwata,H., Kono,T.,
            Nakauchi,H., Lyons,P., Wells,C., Hume,D.A., Fagiolini,M.,
            Hensch,T.K., Brinkmeier,M., Camper,S., Hirota,J., Mombaerts,P.,
            Muramatsu,M., Okazaki,Y., Kawai,J. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Targeting a complex transcriptome: the construction of the mouse
            full-length cDNA encyclopedia
```

```
JOURNAL     Genome Res. 13 (6B), 1273-1289 (2003)
 MEDLINE    22703353
  PUBMED    12819125
COMMENT     Contact: Yoshihide Hayashizaki
            Laboratory for Genome Exploration Research Group, RIKEN Genomic
            Sciences Center(GSC), Yokohama Institute
            The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN)
            1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa 230-0045, Japan
            Tel: 81-45-503-9222
            Fax: 81-45-503-9216
            Email: genome-res@gsc.riken.jp, URL:http://genome.gsc.riken.jp/
            cDNA library was prepared and sequenced in Mouse Genome
            Encyclopedia Project of Genome Exploration Research Group in Riken
            Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in RIKEN.
             Division of Experimental Animal Research in Riken contributed to
            prepare mouse tissues.
             Please visit our web site (http://genome.gsc.riken.jp/) for
            further details.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..343
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="L930172A03"
                     /tissue_type="whole body"
                     /dev_stage="17.5 days embryo"
                     /clone_lib="RIKEN full-length enriched, 17.5 days embryo
                     whole body"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              3.16e-17      Length:         343
Score:                  387.00        Matches:        77
Percent Similarity:     86.00%        Conservative:   9
Best Local Similarity:  77.00%        Mismatches:     14
Query Match:            6.49%         Indels:         0
DB:                     6             Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BY783093 (1-343)

Qy         70 SerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeuValAlaArgValLeuGlnArgLeuCys 89
              |||||  |||||||||   |||||||||||||||||||||:::||||||||||||
Db         11 TCCTTCCACCAGGTGTCATCCCTGAAAGAGCTGGTGGCCAGGGTTGTGCAGAGACTCTGC 70

Qy         90 GluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGlyPheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGly 109
              |||||      :::|||||||||||||||||||    ||||||:::    ||||||||
Db         71 GAGCGCAACGAGAGAAACGTGCTGGCTTTTGGCTTTGAGCTGCTTAACGAGGCCAGAGGC 130

Qy        110 GlyProProGluAlaPheThrThrSerValArgSerTyrLeuProAsnThrValThrAsp 129
              |||||||||  ||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||    :::
Db        131 GGGCCTCCCATGGCCTTCACTAGTAGCGTGCGTAGCTACTTGCCCAACACTGTTATTGAG 190

Qy        130 AlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeuLeuArgArgValGlyAspAspValLeu 149
                    |||||  |||||||||||   |||||||||   |||||||||||||:::|||
Db        191 ACCCTGCGTGTCAGTGGTGCATGGATGCTACTGTTGAGCCGAGTGGGCGACGACCTGCTG 250

Qy        150 ValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheValLeuValAlaProSerCysAlaTyrGln 169
              |||:::||||||||   ||||||||::::::||||||   ||||||||||||||||
Db        251 GTCTACCTGCTGGCACACTGTGCTCTTTATCTTCTGGTGCCCCCCAGCTGTGCCTACCAG 310

RESULT 34
BY784804
LOCUS       BY784804                 338 bp    mRNA    linear   EST 23-MAR-2004
DEFINITION  BY784804 RIKEN full-length enriched, 17.5 days embryo whole body
            Mus musculus cDNA clone L930188J05 5', mRNA sequence.
ACCESSION   BY784804
VERSION     BY784804.1  GI:39711443
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 338)
  AUTHORS   Carninci,P., Waki,K., Shiraki,T., Konno,H., Shibata,K., Itoh,M.,
            Aizawa,K., Arakawa,T., Ishii,Y., Sasaki,D., Bono,H., Kondo,S.,
            Sugahara,Y., Saito,R., Osato,N., Fukuda,S., Sato,K., Watahiki,A.,
            Hirozane-Kishikawa,T., Nakamura,M., Shibata,Y., Yasunishi,A.,
            Kikuchi,N., Yoshiki,A., Kusakabe,M., Gustincich,S., Beisel,K.,
            Pavan,W., Aidinis,V., Nakagawara,A., Held,W.A., Iwata,H., Kono,T.,
            Nakauchi,H., Lyons,P., Wells,C., Hume,D.A., Fagiolini,M.,
            Hensch,T.K., Brinkmeier,M., Camper,S., Hirota,J., Mombaerts,P.,
            Muramatsu,M., Okazaki,Y., Kawai,J. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Targeting a complex transcriptome: the construction of the mouse
            full-length cDNA encyclopedia
  JOURNAL   Genome Res. 13 (6B), 1273-1289 (2003)
 MEDLINE    22703353
  PUBMED    12819125
COMMENT     Contact: Yoshihide Hayashizaki
            Laboratory for Genome Exploration Research Group, RIKEN Genomic
            Sciences Center(GSC), Yokohama Institute
            The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN)
            1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa 230-0045, Japan
            Tel: 81-45-503-9222
            Fax: 81-45-503-9216
            Email: genome-res@gsc.riken.jp, URL:http://genome.gsc.riken.jp/
            cDNA library was prepared and sequenced in Mouse Genome
            Encyclopedia Project of Genome Exploration Research Group in Riken
            Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in RIKEN.
             Division of Experimental Animal Research in Riken contributed to
            prepare mouse tissues.
             Please visit our web site (http://genome.gsc.riken.jp/) for
            further details.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..338
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="L930188J05"
                     /tissue_type="whole body"
                     /dev_stage="17.5 days embryo"
                     /clone_lib="RIKEN full-length enriched, 17.5 days embryo
                     whole body"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              4.99e-17      Length:         338
Score:                  384.00        Matches:        76
Percent Similarity:     86.00%        Conservative:   10
Best Local Similarity:  76.00%        Mismatches:     14
Query Match:            6.44%         Indels:         0
DB:                     6             Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BY784804 (1-338)

Qy         70 SerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeuValAlaArgValLeuGlnArgLeuCys 89
              |||||  |||||||||   |||||||||||||||||||||:::||||||||||||
Db         11 TCCTTCCACCAGGTGTCATCCCTGAAAGAGCTGGTGGCCAGGGTTGTGCAGAGACTCTGC 70

Qy         90 GluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGlyPheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGly 109
              |||||      :::|||||||||||||||||||    |||::::::   ||||||||
Db         71 GAGCGCAACGAGAGAAACGTGCTGGCTTTTGGCTTTGAGCTGGTTAACGAGGCCAGAGGC 130

Qy        110 GlyProProGluAlaPheThrThrSerValArgSerTyrLeuProAsnThrValThrAsp 129
              |||||||||  ||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||    :::
Db        131 GGGCCTCCCATGGCCTTCACTAGTAGCGTGCGTAGCTACTTGCCCAACACTGTTATTGAG 190

Qy        130 AlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeuLeuArgArgValGlyAspAspValLeu 149
                    |||||  |||||||||||   |||||||||   |||||||||||||:::|||
Db        191 ACCCTGCGTGTCAGTGGTGCATGGATGCTACTGTTGAGCCGAGTGGGCGACGACCTGCTG 250

Qy        150 ValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheValLeuValAlaProSerCysAlaTyrGln 169
              |||:::||||||||   ||||||||::::::||||||   ||||||||||||||||
Db        251 GTCTACCTGCTGGCACACTGTGCTCTTTATCTTCTGGTGCCCCCCAGCTGTGCCTACCAG 310
```

```
RESULT 35
BY775178
LOCUS       BY775178                 336 bp    mRNA    linear   EST 23-MAR-2004
DEFINITION  BY775178 RIKEN full-length enriched, 17.5 days embryo whole body
            Mus musculus cDNA clone L930091N09 5', mRNA sequence.
ACCESSION   BY775178
VERSION     BY775178.1  GI:39701816
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 336)
  AUTHORS   Carninci,P., Waki,K., Shiraki,T., Konno,H., Shibata,K., Itoh,M.,
            Aizawa,K., Arakawa,T., Ishii,Y., Sasaki,D., Bono,H., Kondo,S.,
            Sugahara,Y., Saito,R., Osato,N., Fukuda,S., Sato,K., Watahiki,A.,
            Hirozane-Kishikawa,T., Nakamura,M., Shibata,Y., Yasunishi,A.,
            Kikuchi,N., Yoshiki,A., Kusakabe,M., Gustincich,S., Beisel,K.,
            Pavan,W., Aidinis,V., Nakagawara,A., Held,W.A., Iwata,H., Kono,T.,
            Nakauchi,H., Lyons,P., Wells,C., Hume,D.A., Fagiolini,M.,
            Hensch,T.K., Brinkmeier,M., Camper,S., Hirota,J., Mombaerts,P.,
            Muramatsu,M., Okazaki,Y., Kawai,J. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Targeting a complex transcriptome: the construction of the mouse
            full-length cDNA encyclopedia
  JOURNAL   Genome Res. 13 (6B), 1273-1289 (2003)
  MEDLINE   22703353
   PUBMED   12819125
COMMENT     Contact: Yoshihide Hayashizaki
            Laboratory for Genome Exploration Research Group, RIKEN Genomic
            Sciences Center(GSC), Yokohama Institute
            The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN)
            1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa 230-0045, Japan
            Tel: 81-45-503-9222
            Fax: 81-45-503-9216
            Email: genome-res@gsc.riken.jp, URL:http://genome.gsc.riken.jp/
            cDNA library was prepared and sequenced in Mouse Genome
            Encyclopedia Project of Genome Exploration Research Group in Riken
            Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in RIKEN.
             Division of Experimental Animal Research in Riken contributed to
            prepare mouse tissues.
             Please visit our web site (http://genome.gsc.riken.jp/) for
            further details.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .336
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="L930091N09"
                     /tissue_type="whole body"
                     /dev_stage="17.5 days embryo"
                     /clone_lib="RIKEN full-length enriched, 17.5 days embryo
                     whole body"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              9.38e-17        Length:          336
Score:                  380.00          Matches:         77
Percent Similarity:     85.00%          Conservative:    8
Best Local Similarity:  77.00%          Mismatches:      15
Query Match:            6.37%           Indels:          0
DB:                     6               Gaps:            0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BY775178 (1-336)

Qy         70 SerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeuValAlaArgValLeuGlnArgLeuCys 89
                 ||||||  ||||||||  ||||||||||||||||||||||:::|||||||||
Db         11 TCCTTCCACCAGGTGTCATCCCTGAAAGAGCTGGTGGCCAGGGTTGTGCAGAGACTCTGN 70

Qy         90 GluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGlyPheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGly 109
                 ||||||        :::||||||||||||||||||||    |||||||:::   |||||||||
Db         71 GAGCGCAACGAGAGAAACGTGCTGGCTTTTGGCTTTGAGCTGCTTAACGAGGCCAGAGGC 130

Qy        110 GlyProProGluAlaPheThrThrSerValArgSerTyrLeuProAsnThrValThrAsp 129
                 |||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :::
Db        131 GGGCCTCCCATGGCCTTCACTACTAGCGTGCGTAGCTACTTGCCCAACACTGTTATTGAG 190

Qy        130 AlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeuLeuArgArgValGlyAspAspValLeu 149
                    ||||||    |||||||||||     ||||||||||     |||||||||||||||:::|||
Db        191 ACCCTGCGTGTCAGTGGTGCATGGATGCTACTGTTGAGCCGAGTGGGCGACGACCTGCTG 250

Qy        150 ValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheValLeuValAlaProSerCysAlaTyrGln 169
                 |||:::|||||||||     ||||||||::::::||||||     ||||||||||||||||||
Db        251 GTCTACCTGCTGGCACACTGTGCTCTTTATCTTCTGGTGCCCCCCAGCTGTGCCTACCAG 310

RESULT 36
AW244516/c
LOCUS       AW244516                 347 bp    mRNA    linear   EST 25-JAN-2002
DEFINITION  BR_END06B09 Bain Rancourt retinoic acid induced ES cell neural
            differentiation subtraction library Mus musculus cDNA clone 06B09
            similar to gb|AF073311|AF073311 Mus musculus telomerase catalytic
            subunit mRNA, complete cds, mRNA sequence.
ACCESSION   AW244516
VERSION     AW244516.1  GI:8051265
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 347)
  AUTHORS   Bain,G., Mansergh,F.C., Wride,M.A., Hance,J.E., Isogawa,A.,
            Rancourt,S.L., Ray,W.J., Yoshimura,Y., Tsuzuki,T., Gottlieb,D.I.
            and Rancourt,D.E.
  TITLE     ES cell neural differentiation reveals a substantial number of
            novel ESTs
  JOURNAL   Funct. Integr. Genomics 1 (2), 127-139 (2000)
  MEDLINE   21652683
   PUBMED   11793228
COMMENT     Contact: Rancourt DE
            Department of Biochemistry and Molecular Biology
            University of Calgary
            3330 Hospital Drive N.W., Calgary, Alberta, T2N 4N1, Canada
            Tel: 403 220 2888
            Fax: 403 283 8727
            Email: rancourt@ucalgary.ca; URL:http://www.acs.ucalgary.ca/
            rancourt
            DNA sequencing by: University Core DNA Services, University of
            Calgary. Submitted sequence has been trimmed at both ends to remove
            the adaptor oligos containing the EcoRI sites; i.e. GAATTCGGACTA
            (beginning) and TAGTCCGAATTC (end) removed. Therefore, reported
            insert length is longer than actual EST sequence length.
            Insert Length: 359   Std Error: 10.00
            Seq primer: T3 Or T7.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .347
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="129"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="06B09"
                     /cell_type="embryonic stem (ES) cell"
                     /cell_line="D3"
                     /lab_host="DH5 alpha"
                     /clone_lib="Bain Rancourt retinoic acid induced ES cell
                     neural differentiation subtraction library"
                     /note="Vector: pBluescript II SK+ (Stratagene); Site_1:
                     EcoR1; Site_2: EcoR1; Library constructed by Dr. Gerard
                     Bain (present address: Hoechst-ARIAD  Genomic Center,
                     ARIAD Pharmaceuticals Inc., 26 Landsdowne Street,
                     Cambridge, Massachusetts, 02139-4234, U.S.A.). To isolate
                     cDNAs  corresponding to mRNAs which are upregulated during
                     the neural  differentiation of ES cells in vitro, the
                     subtractive hybridization  technique of Wang and Brown [1]
                     was employed. Poly(A)+ RNA was  prepared from both
                     undifferentiated ES cells and from embryoid bodies  which
                     had been cultured for 4 days in the absence of RA followed
```

by an additional 3 days in the presence of 0.5 (M RA (4-/3+ cells). These poly(A)+ RNAs were converted to double-stranded cDNA using the Superscript Choice System (Gibco). Aliquots of both cDNAs were digested with the restriction enzymes AluI and AluI plus RsaI. An adaptor oligo [1] containing an EcoRI site was ligated to the ends of the restricted cDNAs to provide primer binding sites and large amounts of each cDNA population were then produced by the polymerase chain reaction (PCR) as described [1]. Amplified cDNA from undifferentiated ES cells was biotinylated using Photoprobe biotin (Vector Laboratories) according to the manufacturer's protocol. 2.5 ug of amplified cDNA from 4-/3+ cells was mixed with 50 ug of biotinylated ES cell cDNA, denatured by boiling, and hybridized for 20 h. Double stranded cDNAs containing biotin were removed by streptavidin/phenol treatment as described [1]. The remaining subtracted cDNA was mixed with an additional 25 mg of biotinylated ES cell cDNA, denatured by boiling, and hybridized for 2 h. The streptavidin/phenol treatment was repeated and the remaining cDNA was amplified by PCR [Wang and Brown, 1991]. Two additional rounds of subtraction were repeated exactly as described above. The cDNA obtained from this subtraction procedure was digested with EcoRI and ligated to pBS II SK+ (Stratagene) followed by transformation into E. coli DH5 cells. Individual colonies were picked and the corresponding plasmids were isolated either by an alkaline lysis miniprep procedure [2], or using the Qiaprep spin miniprep kit (Qiagen). Sequence analysis was performed using the Big Dye Cycle Sequencing kit and an ABI373 sequencer (University Core DNA Services, University of Calgary). 1. Wang,Z; Brown,DD (1991) A gene expression screen. Proc. Natl. Acad. Sc i. USA 88, 11505-11509. 2. Sambrook,J; Fritsch,EF; Maniatis,T. (1989) Molecular Cloning:A Laboratory Manual. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor,New York."

ORIGIN

```
Alignment Scores:
Pred. No.:              1.59e-16     Length:         347
Score:                  377.00       Matches:        72
Percent Similarity:     80.00%       Conservative:   20
Best Local Similarity:  62.61%       Mismatches:     21
Query Match:            6.32%        Indels:         2
DB:                     2            Gaps:           1

US-10-044-692-2 (1-1132) x AW244516 (1-347)

Qy      740 CysValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPhe 759
            |||:::|||:::|||||||||||||::::::   :::   |||   |||   |||:::|||
Db      345 TGTATCCGCCAGTATGCAGTGGTCCGGAGAGATAGCCAAGGCCAAGTCCACAAGTCCTTT 286

Qy      760 LysSerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHis 779
            :::      |||:::||||||:::||||||||||||||||||   ||||||:::   |||
Db      285 AGGAGACAGGTCACCACCCTCTCTGACCTCCAGCCATACATGGGCCAGTTCCTTAAGCAT 226

Qy      780 LeuGlnGluThr------SerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSer 797
            ||||||::::::      |||   ||||||::::::||||||||||||||||||   |||
Db      225 CTGCAGGATTCAGATGCCAGTGCACTGAGGAACTCCGTTGTCATCGAGCAGAGCATCTCT 166

Qy      798 LeuAsnGluAlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAla 817
            :::||||||:::||||||   |||||||||   ||||||   |||:::   |||
Db      165 ATGAATGAGAGCAGCAGCAGCCTGTTTGACTTCTTCCTGCACTTCCTGCGTCACAGTGTC 106

Qy      818 ValArgIleArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeu 837
            |||:::|||      :::   |||   |||||||||||||||||||||||||||   |||
Db      105 GTAAAGATTGGTGACAGGTGCTATACGCAGTGCCAGGGCATCCCCCAGGGCTCCAGCCTA 46

Qy      838 SerThrLeuLeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLys 852
            ||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||
Db       45 TCCACCCTGCTCTGCAGTCTGTGTTTCGGAGACATGGAGAACAAG 1
```

RESULT 37

```
BY149368
LOCUS       BY149368                326 bp    mRNA    linear   EST 10-DEC-2002
DEFINITION  BY149368 RIKEN full-length enriched, 17.5 days embryo whole body
            Mus musculus cDNA clone L930261L24 5', mRNA sequence.
ACCESSION   BY149368
VERSION     BY149368.1  GI:26285897
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 326)
  AUTHORS   Okazaki,Y., Furuno,M., Kasukawa,T., Adachi,J., Bono,H., Kondo,S.,
            Nikaido,I., Osato,N., Saito,R., Suzuki,H., Yamanaka,I.,
            Kiyosawa,H., Yagi,K., Tomaru,Y., Hasegawa,Y., Nogami,A.,
            Schonbach,C., Gojobori,T., Baldarelli,R., Hill,D.P., Bult,C.,
            Hume,D.A., Quackenbush,J., Schriml,L.M., Kanapin,A., Matsuda,H.,
            Batalov,S., Beisel,K.W., Blake,J.A., Bradt,D., Brusic,V.,
            Chothia,C., Corbani,L.E., Cousins,S., Dalla,E., Dragani,T.A.,
            Fletcher,C.F., Forrest,A., Frazer,K.S., Gaasterland,T.,
            Gariboldi,M., Gissi,C., Godzik,A., Gough,J., Grimmond,S.,
            Gustincich,S., Hirokawa,N., Jackson,I.J., Jarvis,E.D., Kanai,A.,
            Kawaji,H., Kawasawa,Y., Kedzierski,R.M., King,B.L., Konagaya,A.,
            Kurochkin,I.V., Lee,Y., Lenhard,B., Lyons,P.A., Maglott,D.R.,
            Maltais,L., Marchionni,L., McKenzie,L., Miki,H., Nagashima,T.,
            Numata,K., Okido,T., Pavan,W.J., Pertea,G., Pesole,G.,
            Petrovsky,N., Pillai,R., Pontius,J.U., Qi,D., Ramachandran,S.,
            Ravasi,T., Reed,J.C., Reed,D.J., Reid,J., Ring,B.Z., Ringwald,M.,
            Sandelin,A., Schneider,C., Semple,C.A., Setou,M., Shimada,K.,
            Sultana,R., Takenaka,Y., Taylor,M.S., Teasdale,R.D., Tomita,M.,
            Verardo,R., Wagner,L., Wahlestedt,C., Wang,Y., Watanabe,Y.,
            Wells,C., Wilming,L.G., Wynshaw-Boris,A., Yanagisawa,M., Yang,I.,
            Yang,L., Yuan,Z., Zavolan,M., Zhu,Y., Zimmer,A., Carninci,P.,
            Hayatsu,N., Hirozane-Kishikawa,T., Konno,H., Nakamura,M.,
            Sakazume,N., Sato,K., Shiraki,T., Waki,K., Kawai,J., Aizawa,K.,
            Arakawa,T., Fukuda,S., Hara,A., Hashizume,W., Imotani,K., Ishii,Y.,
            Itoh,M., Kagawa,I., Miyazaki,A., Sakai,K., Sasaki,D., Shibata,K.,
            Shinagawa,A., Yasunishi,A., Yoshino,M., Waterston,R., Lander,E.S.,
            Rogers,J., Birney,E. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Analysis of the mouse transcriptome based on functional annotation
            of 60,770 full-length cDNAs
  JOURNAL   Nature 420, 563-573 (2002)
  MEDLINE   22354683
   PUBMED   12466851
COMMENT     Contact: Yoshihide Hayashizaki
            Laboratory for Genome Exploration Research Group, RIKEN Genomic
            Sciences Center(GSC), Yokohama Institute
            The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN)
            1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa 230-0045, Japan
            Tel: 81-45-503-9222
            Fax: 81-45-503-9216
            Email: genome-res@gsc.riken.jp, URL:http://genome.gsc.riken.jp/
            Aizawa,K., Akimura,T., Arakawa,T., Carninci,P., Fukuda,S.,
            Hirozane,T., Imotani,K., Ishii,Y., Itoh,M., Kawai,J., Konno,H.,
            Miyazaki,A., Murata,M., Nakamura,M., Nomura,K., Numazaki,R.,
            Ohno,M., Sakai,K., Sakazume,N., Sasaki,D., Sato,K., Shibata,K.,
            Shiraki,T., Tagami,M., Waki,K., Watahiki,A., Muramatsu,M. and
            Hayashizaki,Y. Direct Submission
             Computational Analysis of Full-Length Mouse cDNAs Compared with
            Human Genome Sequences Mamm. Genome. 12, 673-677 (2001)
             Normalization and subtraction of cap-trapper-selected cDNAs to
            prepare full-length cDNA libraries for rapid discovery of new
            genes. Genome Res. 10 (10), 1617-1630 (2000)
             RIKEN integrated sequence analysis (RISA) system--384-format
            sequencing pipeline with 384 multicapillary sequencer. Genome Res.
            10 (11), 1757-1771 (2000)
             Computer-based methods for the mouse full-length cDNA
            encyclopedia: real-time sequence clustering for construction of a
            nonredundant cDNA library. Genome Res. 11 (2), 281-289 (2001)
             cDNA library was prepared and sequenced in Mouse Genome
            Encyclopedia Project of Genome Exploration Research Group in Riken
            Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in RIKEN.
            Division of Experimental Animal Research in Riken contributed to
```

```
            prepare mouse tissues.
             Please visit our web site (http://genome.gsc.riken.go.jp) for
            further details.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .326
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="L930261L24"
                     /tissue_type="whole body"
                     /dev_stage="17.5 days embryo"
                     /clone_lib="RIKEN full-length enriched, 17.5 days embryo
                     whole body"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.34e-16        Length:         326
Score:                  374.00          Matches:        77
Percent Similarity:     85.15%          Conservative:   9
Best Local Similarity:  76.24%          Mismatches:     14
Query Match:            6.27%           Indels:         1
DB:                     5               Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BY149368 (1-326)

Qy          70 SerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeuValAlaArgValLeuGlnArgLeuCys 89
               |||||  |||||||||   ||||||||||||||||||||||:::|||||||||||
Db          11 TCCTTCCACCAGGTGTCATCCCTGAAAGAGCTGGTGGCCAGGGTTGTGCAGAGACTCTGC 70

Qy          90 GluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGlyPheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGly 109
               |||||        :::|||||||||||||||||||   |||||:::   |||||||||
Db          71 GAGCGCAACGAGAGAAACGTGCTGGCTTTTGGCTTTGAGCTGCTTAACGAGGCCAGAGGC 130

Qy         110 GlyProProGluAlaPheThrThrSerValArgSerTyrLeu-ProAsnThrValThrAs 129
               |||||||||  |||||||||:::||||||||||||||||||| |||||||||||     ::
Db         131 GGGCCTCCCATGGCCTTCACTAGTAGCGTGCGTAGCTACTTGCCCCAACACTGTTATTGA 190

Qy         129 pAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeuLeuArgArgValGlyAspAspValLe 149
                :   ||||||   ||||||||||||    |||||||||    |||||||||||||:::||
Db         191 GACCCTGCGTGTCAGTGGTGCATGGATGCTACTGTTGAGCCGAGTGGGCGACGACCTGCT 250

Qy         149 uValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheValLeuValAlaProSerCysAlaTyrGl 169
               ||||:::|||||||||   |||||||||::::::||||||   ||||||||||||||||
Db         251 GGTCTACCTGCTGGCACACTGTGCTCTTTATCTTCTGGTGCCCCCCAGCTGTGCCTACCA 310

Qy         169 n 169
               |
Db         311 G 311

RESULT 38
AZ972318
LOCUS       AZ972318                 641 bp    DNA     linear   GSS 27-APR-2001
DEFINITION  2M0246F07F Mouse 10kb plasmid UUGC2M library Mus musculus genomic
            clone UUGC2M0246F07 F, genomic survey sequence.
ACCESSION   AZ972318
VERSION     AZ972318.1  GI:13843545
KEYWORDS    GSS.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 641)
  AUTHORS   Dunn,D., Aoyagi,A., Barber,M., Beacorn,T., Duval,B., Hamil,C.,
            Islam,H., Longacre,S., Mahmoud,M., Meenen,E., Pedersen,T.,
            Reilly,M., Rose,M., Rose,R., Stokes,R., Tingey,A., von
            Niederhausern,A. and Wright,D.,Weiss,R.
  TITLE     Mouse whole genome scaffolding with paired end reads from 10kb
            plasmid inserts
  JOURNAL   Unpublished (2000)
COMMENT     Contact: Robert B. Weiss
            University of Utah Genome Center
            University of Utah
            Rm. 308, Biomedical Polymers Research Bldg., 20 S. 2030 E., SLC, UT
            84112, USA
            Tel: 801 585 5606
            Fax: 801 585 7177
            Email: ddunn@genetics.utah.edu
            Insert Length: 10000   Std Error: 0.00
            Plate: 0246  row: F  column: 07
            Seq primer: CGTTGTAAAACGACGGCCAGT
            Class: plasmid ends
            High quality sequence stop: 641.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .641
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="UUGC2M0246F07"
                     /sex="Female"
                     /lab_host="E. coli strain XL10-Gold, T1-resistant, F-"
                     /clone_lib="Mouse 10kb plasmid UUGC2M library"
                     /note="Vector: PWD42nv; Purified genomic DNA from M.
                     musculus C57BL/6J (female) was obtained  from the Jackson
                     Laboratory Mouse DNA Resource
                     (http://www.jax.org/resources/documents/dnares/). The DNA
                     was hydrodynamically sheared by repeated passage through a
                     0.005 inch orifice at constant velocity. The sheared DNA
                     was blunt end-repaired with T4 DNA polymerase and T4
                     polynucleotide kinase. Adaptor oligonucleotides were
                     ligated to the blunt ends in high  molar excess. The
                     adaptored DNA was purified and size-selected for a 9.5 to
                     10.5 kb range using preparative agarose gel
                     electrophoresis. Vector DNA was prepared from a derivative
                     of pWD42 (gi|4732114|gb|AF129072.1), a copy-number
                     inducible derivative of plasmid R1. The vector was ligated
                     with adaptors complementary to the insert adaptors and
                     purified. The sheared, adaptored mouse DNA was annealed to
                     adaptored vector DNA, and transformed into
                     chemically-competent E. coli XL10-Gold (Stratagene) cells
                     and selected for ampicillin resistance."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              7.71e-16        Length:         641
Score:                  373.00          Matches:        104
Percent Similarity:     52.07%          Conservative:   22
Best Local Similarity:  42.98%          Mismatches:     64
Query Match:            6.26%           Indels:         52
DB:                     8               Gaps:           10

US-10-044-692-2 (1-1132) x AZ972318 (1-641)

Qy         229 SerArgSerLeuProLeuProLys---------ArgProArgArgGlyAlaAlaProGlu 245
               :::|||     |||:::|||:::              |||   |||          |||
Db          35 GCCAGATGCTATCCTGTCCCGAGAGTGGAGGAGGGACCCCACAGGCAGGTGCTACCA--- 91

Qy         246 ProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGlyArgThrArgGlyPro 265
                         ||||||  |||:::   ||||||
Db          92 ---------ACCCCATCAGGCAAA---TCATGG--------------------------- 112

Qy         266 SerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArg---------------ProAlaGlu 280
                                 |||   ||||||||||||                  ||||||
Db         113 ------------------GTGCCAAGTCCTGCTCGGTCCCCCGAGGTGCCTACTGCAGAG 154

Qy         281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
               :::        |||   :::|||   :::|||               |||     ||||||
Db         155 AAAGATTTGTCTTCTAAAGGAAAGGTGTCTGACCTGAGTCTCTCT---GGGTCGGTGTGC 211

Qy         301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
                  :::|||               |||         ||||||||
Db         212 TGTAAACACAAGCCCAGCTCCACATCTCTGCTGTCACCACCCCGCCAAAATGCCTTTCAG 271

Qy         321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAsp---LysGlu 339
                   |||    :::   ||||||:::|||||||||||||||   ||||||     :::|||
```

```
Db        272 CTCAGGCCA---TTTATTGAGACCAGACATTTCCTTTACTCCAGGGGAGATGGCCAAGAG 328

Qy        340 GlnLeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArg 359
              :::|||  ||||||||||||||||:::|||:::|||:::||||||||||||||||||
Db        329 CGTCTAAACCCCTCATTCCTACTCAGCAACCTCCAGCCTAACTTGACTGGGGCCAGGAGA 388

Qy        360 LeuValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeu 379
              |||||||||  |||||||||||||||||||||          |||      |||
Db        389 CTGGTGGAGATCATCTTTCTGGGCTCAAGGCCTAGGACATCAGGACCACTCTGCAGGACA 448

Qy        380 ProArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsn 399
                 ||||||   :::||||||||||||||||||||||||   :::||||||   |||
Db        449 CACCGTCTATCGCGTCGATACTGGCAGATGCGGCCCCTGTTCCAACAGCTGCTGGTGAAC 508

Qy        400 HisAlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAla--- 418
              ||||||:::|||   |||      ||||||:::::||||||      |||   |||
Db        509 CATGCAGAGTGCCAATATGTCAGACTCCTCAGGTCACATTGCAGGTTTCGAACAGCAAAC 568

Qy        419 ------ValThrProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAla 436
                    ||||||   |||
Db        569 CAACAGGTGACAGATGCCTTG--------------------------------------- 589

Qy        437 AlaProGluGluGluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSer 456
                             :::|||   |||      |||:::   |||||||||   ||||||
Db        590 ---------------AACACCAGCCCACCGCACCTCATGGATTTGCTCCGCCTGCACAGC 634

Qy        457 SerPro 458
              ||||||
Db        635 AGTCCC 640
```

RESULT 39
CK392784

```
LOCUS       CK392784                 619 bp    mRNA    linear   EST 29-DEC-2003
DEFINITION  K0850A03-5 NIA Mouse 8.5-dpc Whole Embryo cDNA Library (Long) Mus
            musculus cDNA clone NIA:K0850A03 IMAGE:30083138 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CK392784
VERSION     CK392784.1  GI:40383303
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 619)
  AUTHORS   Piao,Y., Ko,N.T., Lim,M.K. and Ko,M.S.H.
  TITLE     Construction of long-transcript enriched cDNA libraries from
            submicrogram amounts of total RNAs by a universal PCR amplification
            method
  JOURNAL   Genome Res. 11 (9), 1553-1558 (2001)
  MEDLINE   21429098
   PUBMED   11544199
COMMENT     Contact: Dawood B. Dudekula
            Laboratory of Genetics
            National Institute on Aging/National Institutes of Health
            333 Cassell Drive, Suite 4000, Baltimore, MD 21224-6820, USA
            Email: cdna@lgsun.grc.nia.nih.gov
            Plate: K0850  row: A  column: 03
            Seq primer: M13 Reverse
            High quality sequence stop: 619
            POLYA=No.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..619
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="niaEST:K0850A03-5"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="NIA:K0850A03 IMAGE:30083138"
                     /tissue_type="whole embryo including extraembryonic
                     tissues at 8.5-days postcoitum"
                     /dev_stage="8.5-days postcoitum"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NIA Mouse 8.5-dpc Whole Embryo cDNA Library
                     (Long)"
                     /note="Vector: pSPORT1 (Invitrogen); Site_1: SalI; Site_2:
                     NotI; Mouse cDNA project by the Laboratory of Genetics,
                     National Institute on Aging (NIA), Intramural Research
                     Program, NIH (http://lgsun.grc.nia.nih.gov/cDNA). This is
                     a long-transcript enriched cDNA library (Ref. Genome Res.
                     11: 1553-1558 (2001). [PMID: 11544199]). Total RNAs were
                     extracted from a pool of 13 embryos at 8.5-days
                     postcoitum. Double-stranded cDNAs were synthesized with an
                     Oligo(dT) primer [Invitrogen:
                     5'-pGACTAGTTCTAGATCGCGAGCGGCCGCCCTTTTTTTTTTTTTTT-3'] from
                     9.1 ug of total RNA, treated with T4 DNA polymerase, and
                     purified by ethanol-precipitation. The cDNAs were ligated
                     to Lone-linker LL-Sal4, purified by phenol/chloroform, and
                     separated from free linkers by Centricon 100. Then, the
                     cDNAs were amplified by long-range high fidelity PCR using
                     Ex Taq polymerase (Takara) with a primer Sal4-S. The
                     products were purified by phenol/chloroform and Centricon
                     100. The cDNAs were digested with SalI and NotI enzymes
                     and cloned into SalI/NotI site of pSPORT1 plasmid vector.
                     The DH10B E. coli host was transformed with the ligation
                     mixture by the standard chemical method. The average
                     insert size is about 2.5 kb. The library was constructed
                     by Yulan Piao (NIA)."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.24e-15        Length:          619
Score:                  366.00          Matches:         97
Percent Similarity:     55.61%          Conservative:    22
Best Local Similarity:  45.33%          Mismatches:      79
Query Match:            6.14%           Indels:          16
DB:                     7               Gaps:            6

US-10-044-692-2 (1-1132) x CK392784 (1-619)

Qy        209 GluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGlyAlaArgArgArgGlyGlySerAla 228
              ||||||      ||||||      |||:::   |||   :::|||
Db          3 GAAGCACCGAAACCCCTGGCCTCGCCATCTCGAGGTACAAAGAGGCATCTGAGTCTCACC 62

Qy        229 SerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArgGlyAlaAlaProGluProGluArg 248
              |||   |||:::|||      |||:::   |||            |||   |||
Db         63 AGTACAAGTGTGCCTTCAGCTAAGAAGGCCAGATGCTATCCTGTCCCGAGAGTGGAGGAG 122

Qy        249 ThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGlyArgThrArgGlyProSerAspArg 268
                 |||                   |||               ||||||   :::
Db        123 GGACCC---------------------CACAGGCAGGTGCTACCAACCCCATCAGGCAAA 161

Qy        269 GlyPheCysValValSerProAlaArg---------------ProAlaGluGluAlaThr 283
                 :::   |||   ||||||||||||                  ||||||:::
Db        162 TCATGG---GTGCCAAGTCCTGCTCGGTCCCCCGAGGTGCCTACTGCAGAGAAAGATTTG 218

Qy        284 SerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGlyArgGlnHis 303
              |||   :::|||   :::|||         |||      ||||||      :::|||
Db        219 TCTTCTAAAGGAAAGGTGTCTGACCTGAGTCTCTCT---GGGTCGGTGTGCTGTAAACAC 275

Qy        304 HisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrProCysProPro 323
                       |||      |||||||||                              |||
Db        276 AAGCCCAGCTCCACATCTCTGCTGTCACCACCCCGCCAAAATGCCTTTCAGCTCAGGCCA 335

Qy        324 ValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAsp---LysGluGlnLeuArg 342
                 :::   ||||||:::||||||||||||||||   ||||||   :::|||:::|||
Db        336 ---TTTATTGAGACCAGACATTTCCTTTACTCCAGGGGAGATGGCCAAGAGCGTCTAAAC 392

Qy        343 ProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeuValGlu 362
              ||||||||||||||||||:::|||:::|||:::||||||||||||||||||||||||||||
Db        393 CCCTCATTCCTACTCAGCAACCTCCAGCCTAACTTGACTGGGGCCAGGAGACTGGTGGAG 452

Qy        363 ThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuProArgLeu 382
                 ||||||||||||||||||||||         |||         |||   ||||||
Db        453 ATCATCTTTCTGGGCTCAAGGCCTAGGACATCAGGACCACTCTGCAGGACACACCGTCTA 512

Qy        383 ProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHisAlaGln 402
                 :::||||||||||||||||||||||||||   :::||||||   |||||||||:::
```

```
Db        513 TCGCGTCGATACTGGCAGATGCGGCCCCTGTTCCAACAGCTGCTGGTGAACCATGCAGAG 572

Qy        403 CysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArg 416
              |||   |||       ||||||:::::||||||     |||
Db        573 TGCCAATATGTCAGACTCCTCAGGTCACATTGCAGGTTTCGA 614

RESULT 40
BE268183
LOCUS       BE268183              779 bp    mRNA    linear   EST 13-JUL-2000
DEFINITION  601125261F1 NIH_MGC_8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3345111 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   BE268183
VERSION     BE268183.1  GI:9141784
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 779)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Louis M. Staudt, M.D., Ph.D.
             cDNA Library Preparation: Ling Hong/Rubin Laboratory
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Incyte Genomics, Inc.
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at: image.llnl.gov
            Plate: LLCM132  row: i  column: 16
            High quality sequence stop: 535.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..779
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:3345111"
                     /tissue_type="Burkitt lymphoma"
                     /lab_host="DH10B (phage-resistant)"
                     /clone_lib="NIH_MGC_8"
                     /note="Organ: lymph; Vector: pOTB7; Site_1: XhoI; Site_2:
                     EcoRI; cDNA made by oligo-dT priming.  Directionally
                     cloned into EcoRI/XhoI sites using the following 5'
                     adaptor: GGCACGAG(G).  Size-selected >500bp for average
                     insert size 1.8kb.  Library constructed by Ling Hong in
                     the laboratory of Gerald M. Rubin (University of
                     California, Berkeley) using  ZAP-cDNA synthesis kit
                     (Stratagene) and Superscript II RT (Life Technologies)."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              1.24e-14      Length:         779
Score:                  357.50        Matches:        116
Percent Similarity:     50.57%        Conservative:   16
Best Local Similarity:  44.44%        Mismatches:     50
Query Match:            6.00%         Indels:         81
DB:                     2             Gaps:           9

US-10-044-692-2 (1-1132) x BE268183 (1-779)

Qy        445 ProArg---ArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrp------------ 459
              ||||||   |||:::||||||:::       :::        ||||||
Db        166 CCCCGTGTCCGAATGGTGCAGGTCCAGGTGAGGTCGCCAGGCCCTTGGTGGGCTGGATGT 225

Qy        460 GlnValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGly 479
                 |||   |||:::   |||:::   :::|||           ||||||   |||
Db        226 GCCGTGTCCGGATGGTGCAGGTCTGGGGTGAGG---------TCGCCAGGCCCTTGGTG- 275

Qy        480 SerArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLys 499
              |||
Db        276 AGC--------------------------------------------------------- 278

Qy        500 HisAlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArg------------ 515
                                                |||      ||||||
Db        279 -----------------------------TGGATGTGCGGTGTCCGGATGGTGCAGGTC 308

Qy        516 ---------------------AspCysAlaTrpLeuArgArgSerPro---------Gly 525
                                            |||:::                   |||
Db        309 CGGGGTGAGGTCACCAGGCCCTCGGTGATCTGGATGTGGCATGTCCTTCTCGTTTAAGGG 368

Qy        526 ValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIleLeuAlaLysPheLeu 545
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        369 GTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCCTG 428

Qy        546 HisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhePheTyrValThrGlu 565
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        429 CACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGGAG 488

Qy        566 ThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerValTrp-SerLysLeuGl 585
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||::
Db        489 ACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGGAGCAAGTTGCG 548

Qy        585 nSerIle-GlyIleArgGlnHisLeuLysArg------ValGlnLeuArgGluLeuSerG 603
              :|||||| |||||||||||||||||||||         |||                |||
Db        549 AAGCATTTGGAATCAGACAGCACTTTGGAAGAGGGTGCTCGCTTGCCGGGAACTTGGTTG 608

Qy        603 luAlaGluValArg-GlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThr-SerArgLeuAr 622
                :::||||||||| :::      |||||||||    ||||||:::       ::::::|||
Db        609 GAAGCGAGGTCCGGGCGGCTTCGGGAAGCCTGGCCGGCCGTGTGGAGGTGCCAAACTCGG 668

Qy        622 gPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValValGlyAl 642
                ||||||||||||    :::||||||      :::||||||
Db        669 TTTCATCCCCAAAGCTGAGGGTCTGG--GCCGTTGTGAACTGG----------------- 709

Qy        642 aArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAlaLeuPh 662
                          |||       ||||||:::
Db        710 ----CCTAGTCGTGGGGCCAAAAGGTCGCGA--------------------------- 736

Qy        662 eSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
                                |||||||||     ||||||     ||||||   |||
Db        737 ----------------GAAAGGGCGGGGTCACCGGGGGAGGGCGGGGCGGGGGTC 775

RESULT 41
BU122597
LOCUS       BU122597              875 bp    mRNA    linear   EST 25-NOV-2002
DEFINITION  603148441F1 CSEQCHL18 Gallus gallus cDNA clone ChEST151a12 5', mRNA
            sequence.
ACCESSION   BU122597
VERSION     BU122597.1  GI:25332991
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Gallus gallus (chicken)
  ORGANISM  Gallus gallus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Archosauria; Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae;
            Phasianinae; Gallus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 875)
  AUTHORS   Boardman,P.E., Sanz-Ezquerro,J., Overton,I.M., Burt,D.W., Bosch,E.,
            Fong,W.T., Tickle,C., Brown,W.R.A., Wilson,S.A. and Hubbard,S.J.
  TITLE     A Comprehensive Collection of Chicken cDNAs
  JOURNAL   Curr. Biol. 12 (22), 1965-1969 (2002)
  MEDLINE   22335534
   PUBMED   12445392
COMMENT     Contact: Simon Hubbard
            Department of Biomolecular Sciences
            University of Manchester Institute of Science and Technology
            (UMIST)
            PO Box 88, Manchester, M60 1QD, UK
            Tel: 01612008930
            Fax: 01612360409
            Email: Simon.Hubbard@umist.ac.uk.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..875
                     /organism="Gallus gallus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="Compton Line 15I"
```

```
                     /db_xref="taxon:9031"
                     /clone="ChEST151a12"
                     /sex="Female"
                     /dev_stage="adult"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="CSEQCHL18"
                     /note="Organ: small intestine; Vector: pBluescript II
                     KS(+); Site_1: EcoRI; Site_2: Not1; Modification of
                     pBluescript II KS(+) [Stratagene] vector to accommodate
                     cDNA produced with the T-trimmed protocol (Construction of
                     uni-directionally cloned cDNA libraries from messenger RNA
                     for improved 3' end DNA sequencing by Glenn Fu, et al.
                     U.S. Patent # 6,387,624). Cut pBluescript II KS(+) with
                     NotI and EcoRI. Ligate in double stranded adaptor
                     containing BsgI and BamHI sites
                     [5'ggccgcgtgcagccccggatccgaaaaaaag]
                     [5'aattcttttttcggatccggggctgcacgc]"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              6.26e-14        Length:         875
Score:                  348.50          Matches:        105
Percent Similarity:     53.46%          Conservative:   34
Best Local Similarity:  40.38%          Mismatches:     90
Query Match:            5.85%           Indels:         32
DB:                     5               Gaps:           9

US-10-044-692-2 (1-1132) x BU122597 (1-875)

Qy          4 AlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHis----------------- 17
              ||||||:::|||   |||      :::|||   |||
Db         38 GCTCCGCAATGTAGCGCGGGAGGAGCCCTTCGCCGCGGTCCTGGGCGCGCTGCGGGGCTG 97

Qy         18 TyrArgGluValLeuProLeuAlaThrPheValArg------ArgLeuGlyProGlnGly 35
              |||   |||      ||||||      |||||||||       |||   |||      |||
Db         98 TACGCCGAGGCCACGCCGCTGGAGGCCTTCGTCCGGGGCTGCAGGAG-GGTGGCACCGGG 156

Qy         36 TrpArgLeuValGlnArgGlyAspProAla---AlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCys 54
                    |||   |||||||||   |||      :::|||      |||:::|||||
Db        157 GAGGTCGAGGTGCTGCGAGGCGACGACGCTCAGTGCTACCGGACCTTCGTGTCGCAGTGC 216

Qy         55 LeuValCysValProTrpAspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnVal 74
              :::||||||||||||         ||||||      |||            |||:::|||:::
Db        217 GTGGTGTGCGTCCCCCGCGGTGCTCGCGCCATCCCCCGGCCCATCTGCTTCCAGCAGTTA 276

Qy         75 SerCysLeuLysGluLeuValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLys 94
              |||         |||::::::   |||::::::|||||||||||||||:::      |||
Db        277 TCCAGTCAGAGCGAAGTCATCACAAGAATCGTTCAGAGGCTGTGTGAAAAGAAAAAGAAG 336

Qy         95 AsnValLeuAlaPheGlyPheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAla 114
                 :::||||||:::|||::::::|||||||||
Db        337 AAGATCCTTGCGTATGGATACTCCTTGCTGGATGAGAACAGTTGTCACTTCAGAGTTTTG 396

Qy        115 PheThrThrSerValArgSerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySer 134
              ::::::   :::   |||||||||   ||||||||||||:::   :::|||   |||
Db        397 CCATCTTCGTGTATATACAGCTATCTGTCCAATACTGTAACAGAAACGATTCGGATCAGT 456

Qy        135 GlyAlaTrpGlyLeuLeuLeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeu-Al 154
              |||   |||   :::||||||   |||:::||||||||||||:::::::::|||||| ::
Db        457 GGCCTCTGGGAGATACTGCTGAGTAGGATAGGGGACGACGTGATGATGTACCTGCTGGAG 516

Qy        154 aArgCysAlaLeuPheValLeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProPr 174
              :   ||||||||||||:::||||||      ||||||      ||||||||||||||
Db        517 CACGTGTGCACTCTTCATGCTGGTTCCCCAAGTAACTGTTACCAGGTCTGCGGGCAAGC 576

Qy        174 oLeuTyrGlnLeuGlyAlaAlaThrGlnAlaArg-ProProProHisAlaSerGlyProA 194
               :::|||:::|||      :::                |||   |||   |||          |
Db        577 AATTTATGAACTT---ATTTCGCGTAACCGTAGGGCCATCCCCA------GGGTTTGTTA 627

Qy        194 rgArgArgLeuGlyCysGluArgAlaTrpAsnHisSer---------------ValArgG 209
              ||||||||               :::   |||:::               ||||||:
Db        628 GACGACGGTACTCA---------AGGTTTAAACATAATAGCTTGCTTGACTATGTGCGAA 678

Qy        209 luAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGlyAlaArgArgArgGlyGlySerAlaS 229
              ::               |||            |||         |||   |||||||||||
Db        679 AAAGGTTGTGTTTCACAGGCACTATCTTTCCAAGT------CGCAGTGGTGGAAGTGCAG 732

Qy        229 erArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArgGlyAlaAlaProGluProGlu 247
                |||                              |||||||||         |||
Db        733 GCCGAGAA---------------------CGTCGAGGTCGTGTCTCCAGCAGGGAG 767

RESULT 42
CO014076
LOCUS       CO014076                 930 bp    mRNA    linear   EST 09-JUN-2004
DEFINITION  EST802411 Coccidioides posadasii spherule cDNA library, 0.4 to 2.3
            kb Coccidioides posadasii cDNA clone CIEC236 5' end, mRNA sequence.
ACCESSION   CO014076
VERSION     CO014076.1  GI:48520965
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Coccidioides posadasii
  ORGANISM  Coccidioides posadasii
            Eukaryota; Fungi; Ascomycota; Pezizomycotina; Eurotiomycetes;
            Onygenales; mitosporic Onygenales; Coccidioides.
REFERENCE   1  (bases 1 to 930)
  AUTHORS   Gardner,M.J. and Cole,G.T.
  TITLE     Analysis of gene expression in Coccidioides posadasii mycelia and
            spherules via expressed sequence tags
  JOURNAL   Unpublished (2003)
COMMENT     Other_ESTs: EST802410
            Contact: Gardner MJ
            The Institute for Genomic Research
            9712 Medical Center Drive, Rockville, MD 20850, USA
            Tel: 301 838 3519
            Fax: 301 838 0208
            Email: gardner@tigr.org
            Seq primer: M13 Reverse.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..930
                     /organism="Coccidioides posadasii"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C735"
                     /db_xref="taxon:199306"
                     /clone="CIEC236"
                     /dev_stage="spherules"
                     /lab_host="E. coli DH10B, T1 phage resistant"
                     /clone_lib="Coccidioides posadasii spherule cDNA library,
                     0.4 to 2.3 kb"
                     /note="Vector: pExpress 1; Site_1: Not I; Site_2: Eco RV;
                     Coccidioides posadasii spherule cDNA library, 0.4 to 2.3
                     kb"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              6.87e-14        Length:         930
Score:                  348.50          Matches:        104
Percent Similarity:     50.16%          Conservative:   55
Best Local Similarity:  32.81%          Mismatches:     121
Query Match:            5.85%           Indels:         37
DB:                     7               Gaps:           11

US-10-044-692-2 (1-1132) x CO014076 (1-930)

Qy        605 GluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg------------ 620
              ||||||::::::               ||||||         :::|||:::   |||
Db          4 GAAGTGAAGGAAGAAACGGCGGCCAGG------ATCCTGTCGAGGAGGACCCTGGGCTAC 57

Qy        621 ------LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMet------ 636
                    ||||||   :::||||||         |||   |||||||||||||||:::
Db         58 GGCACCCTTCGAATGCTCCCCAAGCGCACCGGAGCTCGTCCGATCGTTAACCTGAGAAAG 117

Qy        637 AspTyrValValGlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSer 656
                 :::|||   :::|||         |||   :::                     :::
Db        118 CGCGCCATCGTCAAGTCCAGGTGGAATGGAAGGATAGAGCTGGGGCACAGTGCCAACACG 177

Qy        657 ArgValLysAlaLeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeu 676
                 :::      :::|||   |||||||||   |||:::|||   :::   |||   |||
```

```
Db        178 CTACTTGCACCCGTTTTCCAGGTGCTTAATTGTGAAAAGGCTTCGAAGTCGGGGTCTCTC 237

Qy        677 GlyAlaSerValLeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArg 696

Db        238 GGTGCGTCGATGGATTCCGTGGGGACATGTACGTTCGACTGAAGAGGTTCCGGGAAAGA 297

Qy        697 ---------------ValArgAlaGlnAspProProProGluLeuTyrPheValLysVal 711

Db        298 CTTGATCAGAGGGGAATCAGCAGGAAGGATCCG---------CTGTATTTGTTAAACTT 348

Qy        712 AspValThrGlyAlaTyrAspThrIleProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSer 731

Db        349 GACGTGCAGGCTTGCTTTGATACCATACCTCAGAAGCGACTGCTGCGTTTGGTTGACGGC 408

Qy        732 IleIleLysProGlnAsnThrTyrCysValArgArgTyrAlaValVal------------ 747

Db        409 TTGATCTCC---GAGAATGAATACCGCGTGAGCAAGTACGCGGAGGTTGGGGCTCTACAC 465

Qy        748 GlnLysAlaAlaHisGlyHis-----------------------------ValArgLys 757

Db        466 CAGCCGGGTCTCCCGGGCCAGGCGAACGATGAGGGAGGACCAGCGAAACCCGTGAGAAAG 525

Qy        758 AlaPheLysSerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheVal 777

Db        526 ---TTTGTCTCCAGGGCCGCTCCGGCTGTGGACTTTAAGAGT---GCATACGACTTCGTC 579

Qy        778 AlaHisLeuGlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSer 797

Db        580 GTGGAGCGAGCAAAGCAAAGTACGAAGAGAAACACGGTGTTTGTCGACACGGGGAACCAG 639

Qy        798 LeuAsnGluAlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAla 817

Db        640 AAACGGCACGAGGCCGACGACTTGCTGGCGCTGTTGGAGCAGCACGTGCGGAACAACCTG 699

Qy        818 ValArgIleArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeu 837

Db        700 GTGAAGATCGGGAAGAAGTATTTTCGACAGAAGAACGGGATCCCGCAGGGCTCGGTTGTG 759

Qy        838 SerThrLeuLeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeu------PheAla 855

Db        760 TCAAGCATCCTGTGCAATTTCTTCTACGGCGAGCACGAACGAGCGGAGCTTGGCTTCTTG 819

Qy        856 GlyIleArgArgAspGlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrPro 875

Db        820 GGCGGCGATGAAGAATCGCTCCTGCTGCGTCTGATCGACGACTACCTGCTTATCACCACG 879

Qy        876 HisLeuThrHisAlaLysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValPro 892

Db        880 AAGGAGGACGCAGCGACGCGGTTTCTACGGGTGATGCTGGAAGGGGGGCCA 930
```

```
RESULT 43
CO028055/c
LOCUS       CO028055                 983 bp    mRNA    linear   EST 10-JUN-2004
DEFINITION  EST806439 Coccidioides posadasii spherule cDNA library, 0.5 to 5.3
            kb Coccidioides posadasii cDNA clone CIFAO39 3' end, mRNA sequence.
ACCESSION   CO028055
VERSION     CO028055.1  GI:48558725
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Coccidioides posadasii
  ORGANISM  Coccidioides posadasii
            Eukaryota; Fungi; Ascomycota; Pezizomycotina; Eurotiomycetes;
            Onygenales; mitosporic Onygenales; Coccidioides.
REFERENCE   1  (bases 1 to 983)
  AUTHORS   Gardner,M.J. and Cole,G.T.
  TITLE     Analysis of gene expression in Coccidioides posadasii mycelia and
            spherules via expressed sequence tags
  JOURNAL   Unpublished (2003)
COMMENT     Other_ESTs: EST806440
            Contact: Gardner MJ
            The Institute for Genomic Research
            9712 Medical Center Drive, Rockville, MD 20850, USA
            Tel: 301 838 3519
            Fax: 301 838 0208
            Email: gardner@tigr.org.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..983
                     /organism="Coccidioides posadasii"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C735"
                     /db_xref="taxon:199306"
                     /clone="CIFAO39"
                     /dev_stage="spherules"
                     /lab_host="E. coli DH10B, T1 phage resistant"
                     /clone_lib="Coccidioides posadasii spherule cDNA library,
                     0.5 to 5.3 kb"
                     /note="Vector: pExpress 1; Site_1: Not I; Site_2: Eco RV;
                     Coccidioides posadasii spherule cDNA library, 0.5 to 5.3
                     kb "
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              1.87e-11        Length:         983
Score:                  314.00          Matches:        88
Percent Similarity:     48.90%          Conservative:   45
Best Local Similarity:  32.35%          Mismatches:     115
Query Match:            5.27%           Indels:         24
DB:                     7               Gaps:           8

US-10-044-692-2 (1-1132) x CO028055 (1-983)
```

```
Qy        827 GlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeuLeuCysSerLeuCysTyr 846

Db        974 CAGAAGAACGGGATCCCGCAGGGCTCGGTTGTGTCAAGCATCCTGTGCAATTTCTTCTAC 915

Qy        847 GlyAspMetGluAsnLysLeu------PheAlaGlyIleArgArgAspGlyLeuLeuLeu 864

Db        914 GGCGAGCACGAACGAGCGGAGCTTGGCTTCTTGGGCGGCGATGAAGAATCGCTCCTGCTG 855

Qy        865 ArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAlaLysThrPheLeu 884

Db        854 CGTCTGATCGACGACTACCTGCTTATCACCACGAAGGAGGACGCAGCGACGCGGTTTCTA 795

Qy        885 ArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeuArgLysThrVal 904

Db        794 CGGGTGATGCTGGAAGGGGGGCCAGGAGTATGGGATCTCGGTGACTCCCGGCAAGACGTTG 735

Qy        905 ValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheValGlnMet------ 922

Db        734 GTCAACTTTGAAGTTGAG---------GTGGGCGGTTACGACATCCGGCGGCTGGGCAGA 684

Qy        923 ProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeuGluVal 942

Db        683 TCGTCGCAGGAGCAATTTCCATACTGCGGGAACCTTATCGATACCAGGACGCTGGCGATC 624

Qy        943 GlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAla------SerLeuThrPhe 960

Db        623 AGCAAAGATCGGACCCGCCGACAGGACGACGATCTCCACGTGTGCGACTCGCTCACGCTT 564

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980

Db        563 GAGCTGAGGAAGACGCCCGGACAGGGGTTCTACCGCAAATCTCTGTCTATGTTTAAACTA 504

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000

Db        503 CAGGCGCACGCGATGTTCTTCGACGTGAAGCACAATTCCGCGAGCGTGGTGCTGGCGGGT 444

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020

Db        443 GTATATCACGCGTTCCTCGACTGTGCGATGAGGATGTATGCGTATCTGCGGTCGCTCTCG 384

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsn------------------ProThrPhePheLeuArg 1034

Db        383 CGGCGGCAGCGGAACAGCCGAGAGGTGAGGAGGTCCTCGATGGACGACATGCTCACCCGC 324

Qy       1035 ValIleSerAspThrAlaSerLeuCysTyrSerIleLeuLysAla------LysAsnAla 1052
```

```
Db        323 ACCATCGGGGGGCTCATCGACTACGCGGTGCGCCTGATCCGCTCCTGCACGAAGAGCTCC 264

Qy       1053 GlyMetSerLeuGlyAlaLysGlyAlaAlaGlyProLeuProSerGluAla--------- 1069
               |||         |||    :::|||    :::|||          :::    |||
Db        263 GGGGGTGACGACGGC---GAGGGCAGGAGTGGCAGCACAGGTAATAATGCTATTATTACA 207

Qy       1070 ---------ValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPhe 1078
                       :::|||||||||       |||||||||
Db        206 AGGGTGCAGATCCAGTGGTTGGCGGTGCAGGCGTTC 171

RESULT 44
CO024489/c
LOCUS       CO024489              1023 bp    mRNA    linear   EST 10-JUN-2004
DEFINITION  EST802873 Coccidioides posadasii spherule cDNA library, 0.5 to 5.3
            kb Coccidioides posadasii cDNA clone CIFA132 3' end, mRNA sequence.
ACCESSION   CO024489
VERSION     CO024489.1  GI:48551589
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Coccidioides posadasii
  ORGANISM  Coccidioides posadasii
            Eukaryota; Fungi; Ascomycota; Pezizomycotina; Eurotiomycetes;
            Onygenales; mitosporic Onygenales; Coccidioides.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1023)
  AUTHORS   Gardner,M.J. and Cole,G.T.
  TITLE     Analysis of gene expression in Coccidioides posadasii mycelia and
            spherules via expressed sequence tags
  JOURNAL   Unpublished (2003)
COMMENT     Other_ESTs: EST802874
            Contact: Gardner MJ
            The Institute for Genomic Research
            9712 Medical Center Drive, Rockville, MD 20850, USA
            Tel: 301 838 3519
            Fax: 301 838 0208
            Email: gardner@tigr.org.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..1023
                     /organism="Coccidioides posadasii"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C735"
                     /db_xref="taxon:199306"
                     /clone="CIFA132"
                     /dev_stage="spherules"
                     /lab_host="E. coli DH10B, T1 phage resistant"
                     /clone_lib="Coccidioides posadasii spherule cDNA library,
                     0.5 to 5.3 kb"
                     /note="Vector: pExpress 1; Site_1: Not I; Site_2: Eco RV;
                     Coccidioides posadasii spherule cDNA library, 0.5 to 5.3
                     kb "
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              6.08e-11        Length:         1023
Score:                  307.00          Matches:        92
Percent Similarity:     49.12%          Conservative:   47
Best Local Similarity:  32.51%          Mismatches:     120
Query Match:            5.15%           Indels:         26
DB:                     7               Gaps:           8

US-10-044-692-2 (1-1132) x CO024489 (1-1023)

Qy        816 HisAlaValArgIleArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySer 835
              |||   |||:::|||      |||   :::   |||      ||||||||||||||||||
Db       1001 CACCTTGTGAAGATCGGGAAGAAGTATTTCGA-CAGAAGAACGGGATCCCGCAGGGCTCG 943

Qy        836 IleLeuSerThrLeuLeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeu------ 853
              ::::::|||::::::||||||:::         ||||||:::   |||
Db        942 GTTGTGTCAAGCATCCTGTGCAATTTCTTCTACGGCGAGCACGAACGAGCGGA-GCTGGC 884

Qy        854 PheAlaGlyIleArgArgAspGlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuVal 873
              |||   |||      :::   |||||||||||||||:::|||||:::||||||:::
Db        883 TTCTTGGGCGGCGATGAAGAATCGCTCCTGCTGCGTCTGATCGACGACTACCTGCTTATC 824

Qy        874 ThrProHisLeuThrHisAlaLysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGlu 893
              |||                 |||      |||||||||    ::::::    |||    |||
Db        823 ACCACGAAGGAGGACGCAGCGACGCGGTTTCTACGGTGATGCTGGAAGGGGGCCAGGAG 764

Qy        894 TyrGlyCysValValAsnLeuArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAla 913
              ||||||         |||            ||||||:::|||||||||     ||||||
Db        763 TATGGGATCTCGGTGACTCCCGGCAAGACGTTGGTCAACTTTGAAGTTGAG--------- 713

Qy        914 LeuGlyGlyThrAlaPheValGlnMet------ProAlaHisGlyLeuPheProTrpCys 931
              :::||||||            ::::::         :::               ||||||:::|||
Db        712 GTGGGCGGTTACGACATCCGGCGGCTGGGCAGATCGTCGCAGGAGCAATTTCCATACTGC 653

Qy        932 GlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeuGluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArg 951
              |||   |||:::|||||||||||||||   :::         |||   :::
Db        652 GGGAACCTTATCGATACCAGGACGCTGGCGATCAGCAAAGATCGGACCCGCCGACAGGAC 593

Qy        952 ThrSerIleArgAla------SerLeuThrPheAsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsn 969
                    :::            |||||||||                  |||:::
Db        592 GACGATCTCCACGTGTGCGACTCGCTCACGCTTGAGCTGAGGAAGACGCCCGGACAGGGG 533

Qy        970 MetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeuLysCysHisSerLeuPheLeuAspLeu 989
                    ||||||         :::      :::|||:::      |||::::::|||    |||:::
Db        532 TTCTACCGCAAATCTCTGTCTATGTTTAAACTACAGGCGCACGCGATGTTCTTCGACGTG 473

Qy        990 GlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsnIleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAla 1009
              :::   ||||||               |||            :::|||      |||      |||
Db        472 AAGCACAATTCCGCGAGCGTGGTGCTGGCGGGTGTATATCACGCGTTCCTCGACTGTGCG 413

Qy       1010 TyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuProPheHisGlnGlnValTrpLysAsn--- 1028
                 |||   :::|||   :::         |||         |||:::      :::
Db        412 ATGAGGATGTATGCGTATCTGCGGTCGCTCTCGCGGCGGCAGCGGAACAGCCGAGAGGTG 353

Qy       1029 ---------------ProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAlaSerLeuCys 1043
                                           |||   |||
Db        352 AGGAGGTCCTCGATGGACGACATGCTCACCCGCACCATCGGGGGGCTCATCGACTACGCG 293

Qy       1044 TyrSerIleLeuLysAla------LysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGlyAla 1061
                 ::::::::::::            |||::::::|||         |||   :::|||
Db        292 GTGCGCCTGATCCGCTCCTGCACGAAGAGCTCCGGGGGTGACGACGGC---GAGGGCAGG 236

Qy       1062 AlaGlyProLeuProSerGluAla------------------ValGlnTrpLeuCysHis 1075
              :::|||      :::   |||                     :::|||||||||
Db        235 AGTGGCAGCACAGGTAATAATGCTATTATTACAAGGGTGCAGATCCAGTGGTTGGCGGTG 176

Qy       1076 GlnAlaPhe 1078
              |||||||||
Db        175 CAGGCGTTC 167

RESULT 45
CF547484
LOCUS       CF547484               774 bp    mRNA    linear   EST 22-SEP-2003
DEFINITION  AGENCOURT_15568263 NICHD_XGC_Kid1 Xenopus laevis cDNA clone
            IMAGE:7009014 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CF547484
VERSION     CF547484.1  GI:34884316
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Xenopus laevis (African clawed frog)
  ORGANISM  Xenopus laevis
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Amphibia; Batrachia; Anura; Mesobatrachia; Pipoidea; Pipidae;
            Xenopodinae; Xenopus; Xenopus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 774)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP);
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Daniela S. Gerhard, Ph.D.
            Office of Cancer Genomics
            National Cancer Institute / NIH
            Bldg. 31 Rm10A07 Bethesda, MD 20892
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Dr. Igor Dawid
             cDNA Library Preparation: Life Technologies, Inc.
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
```

```
             DNA Sequencing by: Agencourt Bioscience Corporation
             Clone distribution: NCI-CGAP clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
            Plate: LLAM14713  row: 1  column: 04
            High quality sequence stop: 725.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .774
                     /organism="Xenopus laevis"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:8355"
                     /clone="IMAGE:7009014"
                     /lab_host="DH10B (phage-resistant)"
                     /clone_lib="NICHD_XGC_Kid1"
                     /note="Organ: kidney; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1: SalI;
                     Site_2: NotI; Cloned unidirectionally. Primer: Oligo dT.
                     Average insert size 2.2 kb. Constructed by Life
                     Technologies. Note: This is a Xenopus Gene Collection
                     (XGC) library."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:               4.74e-10      Length:        774
Score:                   291.50        Matches:       56
Percent Similarity:      65.32%        Conservative:  25
Best Local Similarity:   45.16%        Mismatches:    42
Query Match:             4.89%         Indels:        1
DB:                      7             Gaps:          1

US-10-044-692-2 (1-1132) x CF547484 (1-774)

Qy         55 LeuValCysValProTrpAspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnVal 74
              :::||||||:::|||            :::|||   |||:::       ||||||   |||:::
Db         13 GTGGTATGCATTCCAAGAGGAACAAAGCCGCTCCCGTCCCCGGTCTCCTTTCTTCAGCTA 72

Qy         75 SerCysLeuLysGluLeuValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLys 94
              |||      :::|||:::||||||||||||:::||||||:::||||||:::         |||
Db         73 TCAACTCAGAGGGAAGTAGTGGCACGAGTGATTCAACGGATTTGTGAAAAGAAGAGAAAA 132

Qy         95 AsnValLeuAlaPheGlyPheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAla 114
              ||||||||||||||||||:::     |||:::|||            :::
Db        133 AATGTTCTAGCTTTTGGTTATGGCTTAGTTGAT---GAAAAAAACTCACTGAATATTCGA 189

Qy        115 PheThrThrSerValArgSerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySer 134
                 |||     ::::::   :::|||   ||||||      |||      :::      |||
Db        190 TTGACTCCAAATATTTGCAATTATTTCCTAATCCCACAACAACAACAATCAGCACAAGT 249

Qy        135 GlyAlaTrpGlyLeuLeuLeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAla 154
                    |||         ||||||   ||||||||||||||||||||:::::::::     |||
Db        250 ATTCTTTGGGAAACTCTTCTTACTAGAGTAGGTGATGATGTTATGATGTATTGGCTGGAA 309

Qy        155 ArgCysAlaLeuPheValLeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProPro 174
              :::|||::::::||||||   |||   |||||||||   ||||||:::     |||   |||
Db        310 CAATGCTCGATTTTTGTATTTGTGCCTCCTAGCTGCTGCTATCAAATCACTGGACAGCCA 369

Qy        175 LeuTyrGlnLeu 178
              :::|||   |||
Db        370 ATCTACACTTTA 381

RESULT 46
CD310596
LOCUS       CD310596                 687 bp    mRNA    linear   EST 16-SEP-2003
DEFINITION  StrPu691.003960 Sea urchin larva cDNA library MPMGp691
            Strongylocentrotus purpuratus cDNA clone
            MPMGp691N05127;MPI_SURUDI_127N5 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CD310596
VERSION     CD310596.1  GI:34755645
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Strongylocentrotus purpuratus
  ORGANISM  Strongylocentrotus purpuratus
            Eukaryota; Metazoa; Echinodermata; Eleutherozoa; Echinozoa;
            Echinoidea; Euechinoidea; Echinacea; Echinoida;
            Strongylocentrotidae; Strongylocentrotus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 687)
  AUTHORS   Poustka,A.J., Groth,D., Hennig,S., Thamm,S., Cameron,A., Beck,A.,
            Reinhardt,R., Herwig,R., Panopoulou,G. and Lehrach,H.
  TITLE     Generation, annotation, evolutionary analysis, and database
            integration of 20,000 unique sea urchin EST clusters
  JOURNAL   Genome Res. 13 (12), 2736-2746 (2003)
COMMENT     Contact: Poustka AJ
            laboraty 145, dept.Lehrach
            Max-Planck-Institut fuer Molekulare Genetik
            Ihnestr.63-73, D-14195 Berlin, Germany
            Tel: +49 30 8413 1235
            Fax: +49 30 8413 1128
            Email: poustka@molgen.mpg.de
            The library was characterised by oligonucleotide fingerprinting
            (ONF) to reduce sequencing redundancy. According to the ONF
            procedure, clones that display the same hybridisation matrix with a
            battery of 200 8mer oligonucleotides are grouped into clusters. One
            clone per ONF cluster is selected for sequencing. The size of each
            cluster is an indicator of the frequency of a transcript in the
            analysed library. The cluster size as well as the coordinates of
            the other clones assigned to the same ONF cluster as the clone from
            which the above EST is generated is available at the sea urchin
            project web site at: http://www.molgen.mpg.de/ag_seaurchin/ . cDNA
            clones and filters are distributed via the Resource Center/Primary
            Database of the German Human Genome Project (http://www.rzpd.de)
            PCR PRimers
            FORWARD: 5' CCCCAGGCTTTACACTTTATGCTTCCGGCTCG 3' (M13RSP) 5'-seq
            BACKWARD: 5' GCTATTACGCCAGCTGGCGAAAGGGGGATGTG 3' (M13FSP) 3'-seq
            Seq primer: 5'-CCGGTCCGGAATTCCCGGGT-3' pSport3/86
            High quality sequence stop: 687.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .687
                     /organism="Strongylocentrotus purpuratus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:7668"
                     /clone="MPMGp691N05127;MPI_SURUDI_127N5"
                     /tissue_type="whole larva"
                     /dev_stage="larva 2-3 weeks"
                     /lab_host="E.coli, XL1 blue"
                     /clone_lib="Sea urchin larva cDNA library MPMGp691"
                     /note="Vector: pSport1; Site_1: NotI; Site_2: SalI; Random
                     primed and directionally cloned in pSport1 vector using a
                     NotI (5'-pGACTAGTTCTAGATCGCGAGCGGCCGCCC (T)15-3' and a
                     SalI 5'- TCGACCCACGCGTCCG-3'adapters (Gibco BRL)"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:               4.28e-10      Length:        687
Score:                   291.00        Matches:       70
Percent Similarity:      54.88%        Conservative:  48
Best Local Similarity:   32.56%        Mismatches:    88
Query Match:             4.88%         Indels:        9
DB:                      6             Gaps:          5

US-10-044-692-2 (1-1132) x CD310596 (1-687)

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||   ||||||   |||   :::         :::|||   :::||||||:::|||:::
Db         53 CTGTTTGATGTGTTGACATACCACAAAGTCAACCAGCCATCTGTGCTGGGCTCCTCCCTG 112

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIle---HisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAla 699
              ||||||:::|||   |||   |||:::         :::            |||
Db        113 CTTGGAATAGATGGTATCTACCACAAAGTATTGAAGTTCATGAAGGATAGGAAAGAAAGA 172

Qy        700 GlnAspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThr 719
              :::|||      |||   |||||||||||||||:::|||:::            ||||||:::
Db        173 AAGGATACCAGACCG---CTGTACTTTGTGAAGATAGACATTGATAAGTGTTATGACTCC 229

Qy        720 IleProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIle------------LysPro 735
              |||         :::|||   ::::::|||:::   ::::::            ||||||
Db        230 ATCAAGCATTCCAAGCTGCTACAGATTATCTCAATGCTTCTCCAAGGGCATGACAAGCCA 289

Qy        736 GlnAsnThrTyrCysValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisVal 755
```

```
                :::         |||   ::::::||||||         |||    :::||||||
Db        290 GAGGAG---TATCAGCTCCAGCGTTACGTTACCGTGACGAGAGCAGCATCGGCACCGACT 346

Qy        756 ArgLysAlaPheLysSerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGln 775
                 :::||||||                 |||:::|||      :::    ||||||
Db        347 GGTCTGCAAAAGAGAAGCCATCGTCATGTGACTACGGAGTTGAGCAGTTTTCATCGTCAG 406

Qy        776 PheValAlaHisLeuGlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSer 795
                :::     :::   :::          :::::::::|||::::::|||   |||
Db        407 TTGATT---CAGATGGCGCAGCATGGGAAGATCAAGAATGCTATCATTATCAATCAGGTT 463

Qy        796 SerSerLeuAsnGluAlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHis 815
                ::::::                   |||          :::   :::
Db        464 CACACAGTAAAGGTGACACCAAAGGACTTGTTGCAGAGACTGAAACAACATGTCATGGCT 523

Qy        816 HisAlaValArgIleArgGlyLysSerTyrVal-GlnCysGlnGlyIleProGlnGlySe 835
                    |||:::           |||   |||:::  :::         ||||||  ||||||||
Db        524 GATGTAGTGAAGAGTGGTANGAAGTACTATTTGGCGTCAGGATGGCATCAGTCAGGGCTC 583

Qy        835 rIleLeuSerThrLeuLeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAl 855
               ||||||||||:::||||||||||||           |||       :::|||             ::
Db        584 CATTCTCTCGTCCCTTCTCTGCAGTTTCTTCTATGCTCACCTGGAGAGATGCTACCTCTC 643

Qy        855 aGlyIleArgArgAspGlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAsp 869
               :    |||   ::::::||||||::::::||||||:::||||||
Db        644 AGATATAGACCAAGAAGGGCTGATGATGAGATTGATTGATGAC 686
```

RESULT 47
BU224024
LOCUS BU224024 813 bp mRNA linear EST 26-NOV-2002
DEFINITION 603798349F1 CSEQCHN23 Gallus gallus cDNA clone ChEST765b13 5', mRNA sequence.
ACCESSION BU224024
VERSION BU224024.1 GI:25458494
KEYWORDS EST.
SOURCE Gallus gallus (chicken)
ORGANISM Gallus gallus
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Archosauria; Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae; Phasianinae; Gallus.
REFERENCE 1 (bases 1 to 813)
AUTHORS Boardman,P.E., Sanz-Ezquerro,J., Overton,I.M., Burt,D.W., Bosch,E., Fong,W.T., Tickle,C., Brown,W.R.A., Wilson,S.A. and Hubbard,S.J.
TITLE A Comprehensive Collection of Chicken cDNAs
JOURNAL Curr. Biol. 12 (22), 1965-1969 (2002)
MEDLINE 22335534
PUBMED 12445392
COMMENT Contact: Simon Hubbard
Department of Biomolecular Sciences
University of Manchester Institute of Science and Technology (UMIST)
PO Box 88, Manchester, M60 1QD, UK
Tel: 01612008930
Fax: 01612360409
Email: Simon.Hubbard@umist.ac.uk.
FEATURES Location/Qualifiers
source 1. .813
/organism="Gallus gallus"
/mol_type="mRNA"
/strain="White Leghorn, Hisex"
/db_xref="taxon:9031"
/clone="ChEST765b13"
/dev_stage="22"
/lab_host="DH10B"
/clone_lib="CSEQCHN23"
/note="Organ: heads; Vector: pBluescript II KS(+); Site_1: EcoRI; Site_2: NotI; This normalized library was constructed from 1 million independent clones. cDNA synthesis was initiated using an oligo(dT) primer, using methylated C in the first strand synthesis reaction. Following this first strand reaction, double-stranded cDNA was blunted, ligated to NotI adapters, digested with EcoRI, size-selected, and cloned into the NotI and EcoRI compatible sites of a custom modified MCS of the pBluescript (KS+) vector. The library was normalized in 2 rounds using conditions adapted from Soares et al., PNAS (1994) 91: 9228-9232 and Bonaldo et al., Genome Research 6 (1996): 791, except that a significantly longer reannealing hybridization was used."
ORIGIN

```
Alignment Scores:
Pred. No.:               1.57e-09      Length:         813
Score:                   284.50        Matches:        74
Percent Similarity:      55.03%        Conservative:   30
Best Local Similarity:   39.15%        Mismatches:     60
Query Match:             4.77%         Indels:         25
DB:                      5             Gaps:           6

US-10-044-692-2 (1-1132) x BU224024 (1-813)

Qy         73 GlnValSerCysLeuLysGluLeuValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGly 92
                |||:::|||            |||::::::     |||::::::|||||||||||||||:::
Db          1 CAGTTATCCAGTCAGAGCGAAGTCATCACAAGAATCGTTCAGAGGCTGTGTGAAAAGAAA 60

Qy         93 AlaLysAsnValLeuAlaPheGlyPheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProPro 112
                 ||||||:::||||||:::|||::::::|||||||||
Db         61 AAGAAGAACATCCTTGCGTATGGATACTCCTTGCTGGATGAGAACAGTTGTCACTTCAGA 120

Qy        113 GluAlaPheThrThrSerValArgSerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArg 132
                 ::::::   :::      |||||||||     ||||||||||||:::      :::|||
Db        121 GTTTTGCCATCTTCGTGTATATACAGCTATCTGTCCAATACTGTAACAGAAACGATTCGC 180

Qy        133 GlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeuLeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeu 152
                 ||||||    |||     :::||||||      |||:::||||||||||||:::::::::|||
Db        181 ATCAGTGGCCTCTGGGAGATACTGCTGAGTAGGATAGGGGACGACGTGATGATGTACCTG 240

Qy        153 LeuAlaArgCysAlaLeuPheValLeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGly 172
                |||          ||||||||||||:::||||||       ||||||       |||||||||||||||
Db        241 CTGGAGCACTGTGCACTCTTCATGCTGGTTCCCCCAAGTAACTGTTACCAGGTCTGCGGG 300

Qy        173 ProProLeuTyrGlnLeuGlyAlaAlaThrGlnAlaArgProProPro------------ 188
                |||:::|||:::|||                :::          |||    |||
Db        301 CAACCAATTTATGAACTT---ATTTCGCGTAACGTAGGGCCATCCCCAGGGTTTGTTAGA 357

Qy        189 ---------------------HisAlaSer---------GlyProArgArgArgLeuGly 198
                                    |||   |||                    |||:::||||||
Db        358 CGACGGTACTCAAGGTTTAAACATAATAGCTTGCTTGACTATGTGCGAAAAAGGCTTGTG 417

Qy        199 CysGluArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAla 218
                    |||          |||   :::   ::::::                           |||
Db        418 TTTCACAGG---------CACTATCTTTCCAAGTCACAGTGGTGGAAGTGCAGGCCG--- 465

Qy        219 ProGlyAlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArg---------SerLeuProLeuPro 235
                       ||||||||||||       :::||||||                     |||
Db        466 ---------AGACGTCGAGGTCGTGTCTCCAGCAGGAGAAAACAGAAGGAGCCATAGGAT 516

Qy        236 LysArgProArgArgGlyAlaAlaPro 244
                :::||||||      |||      |||
Db        517 ACAAAGCCTAGGTCTGGTTATCAGCCT 543
```

RESULT 48
BX882610
LOCUS BX882610 646 bp mRNA linear EST 20-JUL-2004
DEFINITION BX882610 tcbk Oncorhynchus mykiss cDNA clone tcbk0060c.h.01 5prim, mRNA sequence.
ACCESSION BX882610
VERSION BX882610.2 GI:42815406
KEYWORDS EST.
SOURCE Oncorhynchus mykiss (rainbow trout)
ORGANISM Oncorhynchus mykiss
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Euteleostei; Protacanthopterygii; Salmoniformes; Salmonidae; Oncorhynchus.
REFERENCE 1 (bases 1 to 646)
AUTHORS Govoroun,M., Guiguen,Y. and Le Gac,F.

```
  TITLE     Construction and primary characterization of normalized cDNA
            libraries in rainbow trout, Oncorhynchus mykiss
  JOURNAL   Unpublished (2003)
COMMENT     On Dec 18, 2003 this sequence version replaced gi:40127495.
            Contact: Guiguen Y
            INRA - SCRIBE
            Campus de beaulieu, RENNES cedex, 35042, France
            Tel: 02.23.48.50.09
            Fax: 02.23.48.50.20
            Email: Yann.Guiguen@beaulieu.rennes.inra.fr
            Sequence cleaned of vector, adaptator and repetitions. Contact us
            at sigenasupport@jouy.inra.fr to obtain the chromatogram of this
            sequence.
            Plate: 0060  row: h  column: 1
            Seq primer: M13R.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .646
                     /organism="Oncorhynchus mykiss"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:8022"
                     /clone="tcbk0060c.h.01"
                     /tissue_type="multi-tissues"
                     /dev_stage="from embryos to adults"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="tcbk"
                     /note="Vector: pT7T3D-pac; AGENAE Rainbow trout
                     multi-tissues - normalized + 2 subtractions; Clone
                     distribution : AGENAE Resource centre. Francois PIUMI,
                     Francois.Piumi@jouy.inra.fr, INRA, CEA Radiobiologie et
                     Etude du genome (LREG), Domaine de Vilvert, 78352,
                     Jouy-en-Josas cedex, FRANCE, +33 (0) 1.34.65.28.02, +33
                     (0) 1.34.65.22.73"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              1.4e-09        Length:        646
Score:                  283.00         Matches:       61
Percent Similarity:     60.31%         Conservative:  18
Best Local Similarity:  46.56%         Mismatches:    52
Query Match:            4.75%          Indels:        0
DB:                     5              Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BX882610 (1-646)

Qy       1000 AsnIleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeu 1019
               ||||||||||||::::::||||||    |||:::|||||||||||||||         |||
Db          3 AACATCTATAAGTTAGTGTTGCTGCACGCGTTCAGGTTCCATGCCTGTGCACAGAGTTTG 62

Qy       1020 ProPheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThr 1039
              ||||||   |||:::|||       |||   ::::::||||||    :::|||   |||
Db         63 CCGTTTGGTCAGAAAGTGGGCGGAAACCACTCGTACTTCCTCAATCTGATCTGGGACTTG 122

Qy       1040 AlaSerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLys 1059
              |||               :::::::::       |||    |||:::|||||||||   |||
Db        123 GCGGAGTACACCAACCATCTAGTCAGACTCTGCAACAAAGGTGTGTCTCTAGGCTGTAAG 182

Qy       1060 GlyAlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeu 1079
                       |||   |||      |||||||||:::    :::           |||||||||
Db        183 GCTTTAACAGGTAGCCTTCAGTATGAGGCAGTAGAACTGATATACTGTCTGGCCTTCCTG 242

Qy       1080 LeuLysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAla 1099
              |||   |||:::|||||||||        |||         ||||||      |||||||||
Db        243 TTGGTTCTGTCCCGTCATCGCCCCCTCTACTACCATCTCCTCGCTCCGCTACGCACACGT 302

Qy       1100 GlnThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAla 1119
              :::   :::|||      ||||||   |||       |||      :::       ||||||
Db        303 AAGAGGAAGCTGGAGGGGAAGCTGGAGGGTTTGAGATTGGCCCGAATCAGACAGGCTGCC 362

Qy       1120 AsnProAlaLeuProSerAspPheLysThrIle 1130
                 |||   :::|||   |||||||||   |||
Db        363 ACACCCAAAATGCCTGAAGACTTCAAGGCCATC 395

RESULT 49
BX315053
LOCUS       BX315053                 731 bp    mRNA    linear   EST 14-MAY-2004
DEFINITION  BX315053 tcay Oncorhynchus mykiss cDNA clone tcay0029b.n.21 5prim,
            mRNA sequence.
ACCESSION   BX315053
VERSION     BX315053.2  GI:42620226
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Oncorhynchus mykiss (rainbow trout)
  ORGANISM  Oncorhynchus mykiss
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Euteleostei;
            Protacanthopterygii; Salmoniformes; Salmonidae; Oncorhynchus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 731)
  AUTHORS   Govoroun,M., Guiguen,Y. and Le Gac,F.
  TITLE     Construction and primary characterization of normalized cDNA
            libraries in rainbow trout, Oncorhynchus mykiss
  JOURNAL   Unpublished (2003)
COMMENT     On Apr 7, 2003 this sequence version replaced gi:29595698.
            Contact: Guiguen Y
            INRA - SCRIBE
            Campus de beaulieu, RENNES cedex, 35042, France
            Tel: 02.23.48.50.09
            Fax: 02.23.48.50.20
            Email: Yann.Guiguen@beaulieu.rennes.inra.fr
            Sequence cleaned of vector, adaptator and repetitions. Contact us
            at sigenasupport@jouy.inra.fr to obtain the chromatogram of this
            sequence.
            Plate: 0029  row: n  column: 21
            Seq primer: M13R.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .731
                     /organism="Oncorhynchus mykiss"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:8022"
                     /clone="tcay0029b.n.21"
                     /tissue_type="adipose tissue, blood, brain,
                     differentiating gonads, gills, interrenal, intestine,
                     kidney, liver, muscle, ovary, pituitary, testis"
                     /dev_stage="from embryos to adults"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="tcay"
                     /note="Vector: pT7T3D-pac; Rainbow trout multi-tissues -
                     normalized + 1 subtraction (tcay) ; Clone distribution :
                     AGENAE Resource centre. Francois PIUMI,
                     Francois.Piumi@jouy.inra.fr, INRA, CEA Radiobiologie et
                     Etude du genome (LREG), Domaine de Vilvert, 78352,
                     Jouy-en-Josas cedex, France, +33 (0) 1.34.65.28.02, +33
                     (0) 1.34.65.22.73"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              1.69e-09       Length:        731
Score:                  283.00         Matches:       61
Percent Similarity:     60.31%         Conservative:  18
Best Local Similarity:  46.56%         Mismatches:    52
Query Match:            4.75%          Indels:        0
DB:                     5              Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x BX315053 (1-731)

Qy       1000 AsnIleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeu 1019
               ||||||||||||::::::||||||    |||:::|||||||||||||||         |||
Db          3 AACATCTATAAGTTAGTGTTGCTGCACGCGTTCAGGTTCCATGCCTGTGCACAGAGTTTG 62

Qy       1020 ProPheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThr 1039
              ||||||   |||:::|||       |||   ::::::||||||    :::|||   |||
Db         63 CCGTTTGGTCAGAAAGTGGGCGGAAACCACTCGTACTTCCTCAATCTGATCTGGGACTTG 122

Qy       1040 AlaSerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLys 1059
              |||               :::::::::       |||    |||:::|||||||||   |||
Db        123 GCGGAGTACACCAACCATCTAGTCAGACTCTGCAACAAAGGTGTGTCTCTAGGCTGTAAG 182

Qy       1060 GlyAlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeu 1079
```

```
                  |||   |||     ||||||||:::   :::        |||||||||
Db        183 GCTTTAACAGGTAGCCTTCAGTATGAGGCAGTAGAACTGATATACTGTCTGGCCTTCCTG 242

Qy       1080 LeuLysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAla 1099
              |||   |||:::||||||||       |||      ||||||     ||||||||
Db        243 TTGGTTCTGTCCCGTCATCGCCCCCTCTACTACCATCTCCTCGCTCCGCTACGCACACGT 302

Qy       1100 GlnThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAla 1119
              :::   :::|||       ||||||   |||       |||      :::       ||||||
Db        303 AAGAGGAAGCTGGAGGGGAAGCTGGAGGGTTTGAGATTGGCCCGAATCAGACAGGCTGCC 362

Qy       1120 AsnProAlaLeuProSerAspPheLysThrIle 1130
                 |||   :::|||   ||||||||   |||
Db        363 ACACCCAAAATGCCTGAAGACTTCAAGGCCATC 395

RESULT 50
BW363763
LOCUS       BW363763                 651 bp    mRNA    linear   EST 27-MAY-2004
DEFINITION  BW363763 Yutaka Satou unpublished cDNA library, mature adult whole
            animal Ciona intestinalis cDNA clone cima830o13 5', mRNA sequence.
ACCESSION   BW363763
VERSION     BW363763.1  GI:47775564
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Ciona intestinalis
  ORGANISM  Ciona intestinalis
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Urochordata; Ascidiacea; Enterogona;
            Phlebobranchia; Cionidae; Ciona.
REFERENCE   1  (bases 1 to 651)
  AUTHORS   Satou,Y., Shin-i,T., Kohara,Y. and Satoh,N.
  TITLE     Expressed genes in Ciona intestinalis (2004)
  JOURNAL   Unpublished (2004)
COMMENT     Contact: Yutaka Satou
            Department of Zoology
            Kyoto University
            Sakyo-ku, Kyoto, Kyoto 606-8502, Japan
            Tel: 81-75-753-4095
            Fax: 81-75-705-1113
            Email: yutaka@ascidian.zool.kyoto-u.ac.jp.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .651
                     /organism="Ciona intestinalis"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:7719"
                     /clone="cima830o13"
                     /tissue_type="whole animal"
                     /dev_stage="mature adult"
                     /clone_lib="Yutaka Satou unpublished cDNA library, mature
                     adult whole animal"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.48e-09      Length:          651
Score:                  279.50        Matches:         75
Percent Similarity:     49.40%        Conservative:    49
Best Local Similarity:  29.88%        Mismatches:      80
Query Match:            4.69%         Indels:          47
DB:                     5             Gaps:            9

US-10-044-692-2 (1-1132) x BW363763 (1-651)

Qy        455 HisSerSerPro---TrpGlnValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuVal 473
              |||   :::|||         ||||||:::   |||:::|||:::   :::::::::
Db          1 CATTACACACCAACTCATCAAGTTTTCTTATTTCTACGATCAGCCATAAAGAAAACGTTT 60

Qy        474 ProProGlyLeu---TrpGlySerArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLys 492
              |||      |||   ||||||::::::||||||            ||||||:::|||      :::
Db         61 CCCATTCATTTAATGTGGGGAACAAAACACAACCGTTCAGTTTTCCTGAAAAACCTGGAA 120

Qy        493 LysPheIleSerLeuGlyLysHisAlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMet 512
              ||||||:::|||         :::      |||:::::::::   :::   |||      |||
Db        121 AAGTTTCTTTCCTGCCGTCGGTTTGACAAAGTAACGGTTGCTGACTTTACCGGGGGTATG 180

Qy        513 SerValArgAspCysAlaTrpLeuArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAla 532
              |||   |||       ||||||                   :::|||          ::::::
Db        181 GTGGTGGGTGACTTACCCTGGCTC---------------ATGGGCGACAACACAAGTTCT 225

Qy        533 GluHisArgLeuArgGluGluIleLeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyr 552
                                        |||   :::|||      |||::::::         |||
Db        226 AAT---------------------CTATTAAGATTTTTCCAATGGATGATTGAAGAATAT 264

Qy        553 ValValGluLeuLeuArgSerPhePheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArg 572
              :::      :::|||         ||||||:::||||||      :::        |||||||||
Db        265 ATATTTGTTGTTTTAAGTGGTTCCTTCTATATAACAGAAAACAGCAACTTCAAAAACAGA 324

Qy        573 LeuPhePheTyrArgLysSerValTrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHis 592
              |||||||||||   |||      :::|||:::::::::   :::      |||:::
Db        325 TTGTTCTTCTACCACAAGAAAATGTGGGCGGAGATAGTTGCGTACGGGGTTGCGTTGCTG 384

Qy        593 LeuLysArgValGlnLeuArgGluLeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAla 612
              ||||||                                    |||:::|||   |||
Db        385 TTAAAG------------------------------------CAAAACCGCTGGGCC 405

Qy        613 ArgProAlaLeuLeu------ThrSerArg-----------LeuArgPheIleProLys 626
                 |||   :::            |||   |||            :::||||||   ||||||
Db        406 GTTCCACCCATTGCAGATGATACCAAACGTCCATATTTCTCCGTGAGGTTTTGTCCCAAA 465

Qy        627 ProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValValGlyAlaArgThrPheArg 646
                 :::|||||||||||||||:::
Db        466 GTTAACGGGTTGCGACCGATCATG----------------------------------- 489

Qy        647 ArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgVal------LysAlaLeuPheSerVal 664
              |||   :::   |||:::::::::            |||      :::   :::   ||||||
Db        490 AGGTTGAGGAACGCCGACAAGATGGCTGACATGGTCCCATTCGAAGTAATTGCTTCTGTG 549

Qy        665 LeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerValLeuGlyLeuAsp 684
              |||            ::::::   |||            |||   :::
Db        550 TTGAAATTGGTTTGTAGTAAAGTCCCCAAGCCACCGGGTTTGCCACACAACATCGTGCT 609

Qy        685 AspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeu 695
                 |||:::      |||:::   |||||||||
Db        610 CATATTTACAATGGGTGGAAACAATTTGTTCTT 642

Search completed: October 28, 2004, 20:46:57
Job time : 7891 secs
```

```
OM protein - nucleic search, using frame_plus_p2n model

Run on:         October 29, 2004, 08:05:49 ; Search time 1214 Seconds
                                           (without alignments)
                                           4781.256 Million cell updates/sec

Title:          US-10-044-692-2
Perfect score:  5961
Sequence:       1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYRE..........TALEAAANPALPSDFKTILD 1132

Scoring table:  BLOSUM62
                Xgapop 10.0 , Xgapext  0.5
                Ygapop 10.0 , Ygapext  0.5
                Fgapop  6.0 , Fgapext  7.0
                Delop   6.0 , Delext   7.0

Searched:       3413475 seqs, 2563800928 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      6826950

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Command line parameters:
-MODEL=frame+_p2n.model -DEV=xlh
-Q=/cgn2_1/USPTO_spool/US10044692/runat_28102004_103657_1462/app_query.fasta_1.1287
-DB=Published_Applications_NA -QFMT=fastap -SUFFIX=rnpb -MINMATCH=0.1
-LOOPCL=0 -LOOPEXT=0 -UNITS=bits -START=1 -END=-1 -MATRIX=blosum62
-TRANS=human40.cdi -LIST=45 -DOCALIGN=200 -THR_SCORE=pct -THR_MAX=100
-THR_MIN=0 -ALIGN=15 -MODE=LOCAL -OUTFMT=pto -NORM=ext -HEAPSIZE=500 -MINLEN=0
-MAXLEN=2000000000 -USER=US10044692_@CGN_1_1_824_@runat_28102004_103657_1462
-NCPU=6 -ICPU=3 -NO_MMAP -LARGEQUERY -NEG_SCORES=0 -WAIT -DSPBLOCK=100
-LONGLOG -DEV_TIMEOUT=120 -WARN_TIMEOUT=30 -THREADS=1 -XGAPOP=10 -XGAPEXT=0.5
-FGAPOP=6 -FGAPEXT=7 -YGAPOP=10 -YGAPEXT=0.5 -DELOP=6 -DELEXT=7

Database :      Published_Applications_NA:*
                1:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US07_PUBCOMB.seq:*
                2:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/PCT_NEW_PUB.seq:*
                3:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US06_NEW_PUB.seq:*
                4:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US06_PUBCOMB.seq:*
                5:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US07_NEW_PUB.seq:*
                6:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/PCTUS_PUBCOMB.seq:*
                7:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US08_NEW_PUB.seq:*
                8:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US08_PUBCOMB.seq:*
                9:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09A_PUBCOMB.seq:*
                10:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09B_PUBCOMB.seq:*
                11:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09C_PUBCOMB.seq:*
                12:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09_NEW_PUB.seq:*
                13:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10A_PUBCOMB.seq:*
                14:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10B_PUBCOMB.seq:*
                15:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10C_PUBCOMB.seq:*
                16:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10D_PUBCOMB.seq:*
                17:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10E_PUBCOMB.seq:*
                18:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10_NEW_PUB.seq:*
                19:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US11_NEW_PUB.seq:*
                20:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US60_NEW_PUB.seq:*
                21:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US60_PUBCOMB.seq:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.
```

SUMMARIES

%

Result No.	Score	Query Match	Length	DB	ID	Description
1	5961	100.0	3396	9	US-09-749-728B-32	Sequence 32, Appl
2	5961	100.0	3399	17	US-10-384-339C-28	Sequence 28, Appl
3	5961	100.0	4015	9	US-09-733-294A-3	Sequence 3, Appli
4	5961	100.0	4015	9	US-09-990-080-1	Sequence 1, Appli
5	5961	100.0	4015	9	US-09-843-676-224	Sequence 224, App
6	5961	100.0	4015	9	US-09-953-052-1	Sequence 1, Appli
7	5961	100.0	4015	14	US-10-053-758-224	Sequence 224, App
8	5961	100.0	4015	14	US-10-208-243-1	Sequence 1, Appli
9	5961	100.0	4015	14	US-10-054-295-224	Sequence 224, App
10	5961	100.0	4015	14	US-10-054-611-224	Sequence 224, App
11	5961	100.0	4015	14	US-10-105-963-1	Sequence 1, Appli
12	5961	100.0	4015	14	US-10-044-692-1	Sequence 1, Appli
13	5961	100.0	4015	15	US-10-044-539-1	Sequence 1, Appli
14	5961	100.0	4015	15	US-10-325-810-1	Sequence 1, Appli
15	5961	100.0	4015	15	US-10-388-578-1	Sequence 1, Appli
16	5961	100.0	4015	15	US-10-449-565-1	Sequence 1, Appli
17	5961	100.0	4015	17	US-10-602-441-1	Sequence 1, Appli
18	5961	100.0	4015	17	US-10-389-431-1	Sequence 1, Appli
19	5954	99.9	4027	15	US-10-385-882-1	Sequence 1, Appli
20	5952	99.8	3453	14	US-10-205-629-1	Sequence 1, Appli
21	5952	99.8	4037	15	US-10-325-810-343	Sequence 343, App
22	5952	99.8	13766	15	US-10-105-616-1	Sequence 1, Appli
c 23	5925	99.4	8742	15	US-10-105-616-6	Sequence 6, Appli
24	5593.5	93.8	3855	14	US-10-044-692-4	Sequence 4, Appli
25	5593.5	93.8	3855	15	US-10-044-539-4	Sequence 4, Appli
26	5593.5	93.8	3855	15	US-10-325-810-4	Sequence 4, Appli
27	5579	93.6	4029	9	US-09-843-676-173	Sequence 173, App
28	5579	93.6	4029	10	US-09-438-486-173	Sequence 173, App
29	5579	93.6	4029	14	US-10-053-758-173	Sequence 173, App
30	5579	93.6	4029	14	US-10-054-295-173	Sequence 173, App
31	5579	93.6	4029	14	US-10-054-611-173	Sequence 173, App
32	5579	93.6	4029	15	US-10-325-810-292	Sequence 292, App
33	3628	60.9	4170	17	US-10-602-441-5	Sequence 5, Appli
34	3505	58.8	3426	17	US-10-602-441-3	Sequence 3, Appli
35	3134	52.6	1866	14	US-10-294-778-11	Sequence 11, Appl
36	2789	46.8	51552	9	US-09-733-294A-30	Sequence 30, Appl
37	2782	46.7	4200	14	US-10-044-692-6	Sequence 6, Appli
38	2782	46.7	4200	15	US-10-044-539-6	Sequence 6, Appli
39	2782	46.7	4321	15	US-10-325-810-6	Sequence 6, Appli
40	2782	46.7	15418	9	US-09-783-203-1	Sequence 1, Appli
41	2782	46.7	15418	9	US-09-994-427A-1	Sequence 1, Appli
42	2782	46.7	15418	10	US-09-995-419A-1	Sequence 1, Appli
43	2782	46.7	15418	14	US-10-141-220-1	Sequence 1, Appli
44	2782	46.7	15418	14	US-10-023-969-1	Sequence 1, Appli
45	2782	46.7	15418	14	US-10-206-447-1	Sequence 1, Appli

ALIGNMENTS

```
RESULT 1
US-09-749-728B-32
; Sequence 32, Application US/09749728B
; Patent No. US20020142457A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Umezawa, Akihiro
;  APPLICANT:  Hata, Jun-Ichi
;  APPLICANT:  Fukuda, Keiichi
;  APPLICANT:  Ogawa, Satoshi
;  APPLICANT:  Sakurada, Kazuhiro
;  APPLICANT:  Gojo, Satoshi
;  APPLICANT:  Yamada, Yoji
;  TITLE OF INVENTION: THE CELL HAVING THE POTENTIALITY OF DIFFERENTIATION INTO CARDIOMYC
;  FILE REFERENCE: 00766.000043
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/749,728B
;  CURRENT FILING DATE:  2001-09-17
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: H11-372826
;  PRIOR FILING DATE: 1999-12-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT-JP00-01148
;  PRIOR FILING DATE: 2000-02-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT-JP00-07741
```

```
;  PRIOR FILING DATE: 2000-11-02
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 80
;  SOFTWARE: PatentIn Ver.2.0
; SEQ ID NO 32
;   LENGTH: 3396
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   OTHER INFORMATION: (1)..(3399)
US-09-749-728B-32

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:         3396
Score:                  5961.00        Matches:        1132
Percent Similarity:     100.00%        Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%        Mismatches:     0
Query Match:            100.00%        Indels:         0
DB:                     9              Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-09-749-728B-32 (1-3396)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 960

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1020

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1080

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1140

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1200

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1260

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1320

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1380

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1800

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1860
```

```
Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1920

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 1980

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2040

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2100

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2160

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2220

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2280

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2340

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2400

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3396
```

RESULT 2
US-10-384-339C-28
; Sequence 28, Application US/10384339C
; Publication No. US20040175703A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Kreutzer, Roland
; TITLE OF INVENTION: COMPOSITIONS AND METHODS FOR INHIBITING EXPRESSION OF A TARGET GE
; FILE REFERENCE: 20200/2002
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/384,339C
; CURRENT FILING DATE: 2003-03-07
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/EP02/00152
; PRIOR FILING DATE: 2002-01-09
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10100586.5
; PRIOR FILING DATE: 2001-01-09
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10155280.7
; PRIOR FILING DATE: 2001-10-26
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10158411.3
; PRIOR FILING DATE: 2001-11-29
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10160151.4
; PRIOR FILING DATE: 2001-12-07
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 173
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 28
;   LENGTH: 3399
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
; PUBLICATION INFORMATION:
;   TITLE: telomerase reverse transcriptase
;   PATENT DOCUMENT NUMBER: AF015950
US-10-384-339C-28

```
Alignment Scores:
Pred. No.:                0              Length:         3399
Score:                    5961.00        Matches:        1132
Percent Similarity:       100.00%        Conservative:   0
Best Local Similarity:    100.00%        Mismatches:     0
Query Match:              100.00%        Indels:         0
DB:                       17             Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-10-384-339C-28 (1-3399)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
```

```
Db          1 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 60
Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
Db         61 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 120
Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
Db        121 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 180
Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
Db        181 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 240
Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
Db        241 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 300
Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
Db        301 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 360
Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
Db        361 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 420
Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
Db        421 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 480
Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
Db        481 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 540
Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
Db        541 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 600
Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
Db        601 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 660
Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
Db        661 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 720
Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
Db        721 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 780
Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
Db        781 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 840
Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
Db        841 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 900
Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
Db        901 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 960
Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
Db        961 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1020
Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
Db       1021 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1080
Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
Db       1081 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1140
Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
Db       1141 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1200
Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
Db       1201 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1260
Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
Db       1261 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1320
Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
Db       1321 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1380
Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
Db       1381 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1440
Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
Db       1441 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1500
Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
Db       1501 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1560
Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
Db       1561 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1620
Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
Db       1621 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1680
Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
Db       1681 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1740
Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
Db       1741 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1800
Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
Db       1801 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1860
Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
Db       1861 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1920
Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
Db       1921 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 1980
Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
Db       1981 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2040
Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
Db       2041 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2100
Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
Db       2101 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2160
Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
Db       2161 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2220
```

```
Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2280

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2340

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2400

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3396
```

```
RESULT 3
US-09-733-294A-3
; Sequence 3, Application US/09733294A
; Patent No. US20020045588A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Brett P. Monia
;  APPLICANT:  William Gaarde
;  APPLICANT:  Susan M. Freier
;  APPLICANT:  Edward V. Wancewicz
;  TITLE OF INVENTION: ANTISENSE MODULATION OF TERT EXPRESSION
;  FILE REFERENCE: ISPH-0527
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/733,294A
;  CURRENT FILING DATE:  2000-12-07
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 09/572,423
;  PRIOR FILING DATE: 2000-05-16
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 108
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 4015
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (56)...(3454)
US-09-733-294A-3

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:        4015
Score:                  5961.00        Matches:       1132
Percent Similarity:     100.00%        Conservative:  0
Best Local Similarity:  100.00%        Mismatches:    0
Query Match:            100.00%        Indels:        0
DB:                     9              Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-09-733-294A-3 (1-4015)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db      476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535

Qy      161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy      181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655

Qy      201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy      221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775

Qy      241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835

Qy      261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895

Qy      281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955

Qy      301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1015

Qy      321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075

Qy      341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy      361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy      381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy      401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy      421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy      441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy      461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495

Qy      481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555

Qy      501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615

Qy      521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy      541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy      561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy      581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy      601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy      621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy      641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy      661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy      681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

Qy      701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215

Qy      721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

Qy      741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

Qy      761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

Qy      781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455

Qy      801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515

Qy      821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575

Qy      841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635

Qy      861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695
```

```
Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451
```

```
RESULT 4
US-09-990-080-1
; Sequence 1, Application US/09990080
; Patent No. US20020102686A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Morin, Gregg B.
;  APPLICANT:  Geron Corporation
;  TITLE OF INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit Variants
;  FILE REFERENCE: 018/258c
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/990,080
;  CURRENT FILING DATE:  1998-08-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/052,864
;  PRIOR FILING DATE: 1998-03-31
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 21
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 4015
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (56)..(3454)
;   OTHER INFORMATION: human telomerase reverse transcriptase (hTRT) cDNA
US-09-990-080-1

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:        4015
Score:                  5961.00        Matches:       1132
Percent Similarity:     100.00%        Conservative:  0
Best Local Similarity:  100.00%        Mismatches:    0
Query Match:            100.00%        Indels:        0
DB:                     9              Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-09-990-080-1 (1-4015)
```

```
Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955
```

```
Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGACACGCCT 1015

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy        1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy        1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy        1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy        1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy        1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451
```

RESULT 5

```
US-09-843-676-224
; Sequence 224, Application US/09843676
; Patent No. US20020164786A1
;  GENERAL INFORMATION:
;       APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                  Lingner, Joachim
;                  Nakamura, Toru
;                  Chapman, Karen B.
;                  Morin, Gregg B.
;                  Harley, Calvin
;                  Andrews, William H.
;       TITLE OF INVENTION: No. US20020164786A1el Telomerase
;       NUMBER OF SEQUENCES: 225
;       CORRESPONDENCE ADDRESS:
;            ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;            STREET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
;            CITY: San Francisco
;            STATE: California
;            COUNTRY: United States of America
;            ZIP: 94111
;       COMPUTER READABLE FORM:
;            MEDIUM TYPE: Floppy disk
;            COMPUTER: IBM PC compatible
;            OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;            SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;       CURRENT APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/09/843,676
;            FILING DATE: 26-Apr-2001
;            CLASSIFICATION: 536
;       PRIOR APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/08/854,050
;            FILING DATE: 09-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;            FILING DATE: 25-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;            FILING DATE: 18-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;            FILING DATE: 01-OCT-1996
;       ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;            NAME: Apple, Randolph T.
;            REGISTRATION NUMBER: 36,429
;            REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002930US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;            TELEPHONE: (415) 576-0200
;            TELEFAX: (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO: 224:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;            LENGTH: 4015 base pairs
;            TYPE: nucleic acid
;            STRANDEDNESS: single
;            TOPOLOGY: linear
;       MOLECULE TYPE: cDNA
;       FEATURE:
;            NAME/KEY: CDS
;            LOCATION: 56..3454
;            OTHER INFORMATION: /product= "hTRT"
;            /note= "human telomerase reverse
;            transcriptase (hTRT) catalytic protein
;            component"
;       SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 224:
US-09-843-676-224
```

Alignment Scores:

Pred. No.:	0	Length:	4015
Score:	5961.00	Matches:	1132
Percent Similarity:	100.00%	Conservative:	0
Best Local Similarity:	100.00%	Mismatches:	0
Query Match:	100.00%	Indels:	0
DB:	9	Gaps:	0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-09-843-676-224 (1-4015)

```
Qy           1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy          21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy          41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy          61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy          81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy         101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy         121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy         141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535

Qy         161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy         181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655

Qy         201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy         221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775

Qy         241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db     776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835

Qy     261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895

Qy     281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955

Qy     301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1015

Qy     321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075

Qy     341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy     361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy     381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy     401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy     421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy     441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy     461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495

Qy     481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555

Qy     501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615

Qy     521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy     541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy     561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy     581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy     601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy     621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy     641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy     661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy     681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

Qy     701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215

Qy     721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

Qy     741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

Qy     761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

Qy     781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455

Qy     801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515

Qy     821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575

Qy     841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635

Qy     861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695

Qy     881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy     901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815

Qy     921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy     941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy     961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995
```

```
Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451
```

RESULT 6
US-09-953-052-1

```
; Sequence 1, Application US/09953052
; Patent No. US20020173476A1
;  GENERAL INFORMATION:
;       APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                  Lingner, Joachim
;                  Nakamura, Toru
;                  Chapman, Karen B.
;                  Morin, Gregg B.
;                  Harley, Calvin B.
;                  Andrews, William H.
;       TITLE OF INVENTION: Antisense Compositions for Detecting and
;                           Inhibiting Telomerase Reverse Transcriptase
;       NUMBER OF SEQUENCES: 72
;       CORRESPONDENCE ADDRESS:
;            ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;            STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;            CITY: San Francisco
;            STATE: California
;            COUNTRY: USA
;            ZIP: 94111-3834
;       COMPUTER READABLE FORM:
;            MEDIUM TYPE: Floppy disk
;            COMPUTER: IBM PC compatible
;            OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;            SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;       CURRENT APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/09/953,052
;            FILING DATE: 14-Sep-2001
;            CLASSIFICATION: <Unknown>
;       PRIOR APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: 09/052,919
;            FILING DATE: <Unknown>
;            APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;            FILING DATE: 18-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;            FILING DATE: 25-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;            FILING DATE: 06-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;            FILING DATE: 09-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/911,312
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/912,951
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/974,549
;            FILING DATE: 19-NOV-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/974,584
;            FILING DATE: 19-NOV-1997
;            APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17618
;            FILING DATE: 01-OCT-1997
;            APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;            FILING DATE: 01-OCT-1997
;       ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;            NAME: Parent, Annette S.
;            REGISTRATION NUMBER: 42,058
;            REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-003600US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;            TELEPHONE: (415) 576-0200
;            TELEFAX: (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;            LENGTH: 4015 base pairs
;            TYPE: nucleic acid
;            STRANDEDNESS: single
;            TOPOLOGY: linear
;       MOLECULE TYPE: cDNA
;       FEATURE:
;            NAME/KEY:  CDS
;            LOCATION:  56..3454
;            OTHER INFORMATION:  /product= "human telomerase reverse
;            transcriptase (hTRT)"
;       SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1:
US-09-953-052-1
```

```
Alignment Scores:
Pred. No.:                0               Length:        4015
Score:                    5961.00         Matches:       1132
Percent Similarity:       100.00%         Conservative:  0
Best Local Similarity:    100.00%         Mismatches:    0
Query Match:              100.00%         Indels:        0
DB:                       9               Gaps:          0
```

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-09-953-052-1 (1-4015)

```
Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy    141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535

Qy    161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy    181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655

Qy    201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy    221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775

Qy    241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835

Qy    261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895

Qy    281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955

Qy    301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1015

Qy    321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075

Qy    341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy    361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy    381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy    401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy    421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy    441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy    461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495

Qy    481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555

Qy    501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615

Qy    521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy    541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy    561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy    581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy    601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy    621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy    641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy    661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy    681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

Qy    701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215

Qy    721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

Qy    741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

Qy    761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

Qy    781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455

Qy    801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515

Qy    821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575

Qy    841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635
```

```
Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451
```

RESULT 7
US-10-053-758-224

```
; Sequence 224, Application US/10053758
; Publication No. US20030032075A1
;   GENERAL INFORMATION:
;        APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                   Lingner, Joachim
;                   Nakamura, Toru
;                   Chapman, Karen B.
;                   Morin, Gregg B.
;                   Harley, Calvin
;                   Andrews, William H.
;        TITLE OF INVENTION: No. US20030032075A1el Telomerase
;        NUMBER OF SEQUENCES: 225
;        CORRESPONDENCE ADDRESS:
;             ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;             STREET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
;             CITY: San Francisco
;             STATE: California
;             COUNTRY: United States of America
;             ZIP: 94111
;        COMPUTER READABLE FORM:
;             MEDIUM TYPE: Floppy disk
;             COMPUTER: IBM PC compatible
;             OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;             SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;        CURRENT APPLICATION DATA:
;             APPLICATION NUMBER: US/10/053,758
;             FILING DATE: 18-Jan-2002
;             CLASSIFICATION: 536
;        PRIOR APPLICATION DATA:
;             APPLICATION NUMBER: US/08/854,050
;             FILING DATE: 09-MAY-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;             FILING DATE: 06-MAY-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;             FILING DATE: 25-APR-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;             FILING DATE: 18-APR-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;             FILING DATE: 01-OCT-1996
;        ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;             NAME: Apple,  Randolph T.
;             REGISTRATION NUMBER: 36,429
;             REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002930US
;        TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;             TELEPHONE: (415) 576-0200
;             TELEFAX: (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO: 224:
;        SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;             LENGTH: 4015 base pairs
;             TYPE: nucleic acid
;             STRANDEDNESS: single
;             TOPOLOGY: linear
;        MOLECULE TYPE: cDNA
;        FEATURE:
;             NAME/KEY:  CDS
;             LOCATION:  56..3454
;             OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;             /note= "human telomerase reverse
;             transcriptase (hTRT) catalytic protein
;             component"
;        SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 224:
US-10-053-758-224
```

Alignment Scores:

Pred. No.:	0	Length:	4015
Score:	5961.00	Matches:	1132
Percent Similarity:	100.00%	Conservative:	0
Best Local Similarity:	100.00%	Mismatches:	0
Query Match:	100.00%	Indels:	0
DB:	14	Gaps:	0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-10-053-758-224 (1-4015)

```
Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295
```

```
Qy       81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy      101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy      121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy      141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535

Qy      161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy      181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655

Qy      201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy      221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775

Qy      241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835

Qy      261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895

Qy      281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955

Qy      301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1015

Qy      321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075

Qy      341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy      361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy      381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy      401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy      421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy      441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy      461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495

Qy      481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555

Qy      501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615

Qy      521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy      541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy      561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy      581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy      601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy      621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy      641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy      661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy      681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

Qy      701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215

Qy      721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

Qy      741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

Qy      761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

Qy      781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455

Qy      801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515

Qy          821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575

Qy          841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635

Qy          861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695

Qy          881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy          901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815

Qy          921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy          941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy          961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy          981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy         1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy         1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy         1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy         1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy         1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy         1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy         1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451
```

RESULT 8
US-10-208-243-1
; Sequence 1, Application US/10208243
; Publication No. US20030044394A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Gaeta, Federico C.A.
; APPLICANT: Geron Corporation
; TITLE OF INVENTION: Methods and Compositions for Eliciting an Immune
; TITLE OF INVENTION: Response to a Telomerase Antigen
; FILE REFERENCE: 015389-003500PC
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/208,243
; CURRENT FILING DATE: 2002-07-30
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/675,321
; PRIOR FILING DATE: 2000-09-28
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/112,006
; PRIOR FILING DATE: 1998-03-31
; PRIOR APPLICATION NUMBER: WO PCT/US99/06898
; PRIOR FILING DATE: 1999-03-30
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 2
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 1
; LENGTH: 4015
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Homo sapiens
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (56)..(3454)
; OTHER INFORMATION: human telomerase reverse transcriptase (hTRT)
US-10-208-243-1

```
Alignment Scores:
Pred. No.:              0           Length:         4015
Score:                  5961.00     Matches:        1132
Percent Similarity:     100.00%     Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%     Mismatches:     0
Query Match:            100.00%     Indels:         0
DB:                     14          Gaps:           0
```

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-10-208-243-1 (1-4015)

```
Qy            1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy           21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy           41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy           61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy           81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy          101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy          121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy          141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535

Qy          161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy          181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655
```

```
Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1015

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy          941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy          961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy          981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy         1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy         1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy         1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy         1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy         1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy         1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy         1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451

RESULT 9
US-10-054-295-224
; Sequence 224, Application US/10054295
; Publication No. US20030044953A1
;  GENERAL INFORMATION:
;       APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                  Lingner, Joachim
;                  Nakamura, Toru
;                  Chapman, Karen B.
;                  Morin, Gregg B.
;                  Harley, Calvin
;                  Andrews, William H.
;       TITLE OF INVENTION: No. US20030044953A1el Telomerase
;       NUMBER OF SEQUENCES: 225
;       CORRESPONDENCE ADDRESS:
;            ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;            STREET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
;            CITY: San Francisco
;            STATE: California
;            COUNTRY: United States of America
;            ZIP: 94111
;       COMPUTER READABLE FORM:
;            MEDIUM TYPE: Floppy disk
;            COMPUTER: IBM PC compatible
;            OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;            SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;       CURRENT APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/10/054,295
;            FILING DATE: 18-Jan-2002
;            CLASSIFICATION: 536
;       PRIOR APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: 08/854,050
;            FILING DATE: <Unknown>
;            APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;            FILING DATE: 25-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;            FILING DATE: 18-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;            FILING DATE: 01-OCT-1996
;       ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;            NAME: Apple,  Randolph T.
;            REGISTRATION NUMBER: 36,429
;            REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002930US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;            TELEPHONE: (415) 576-0200
;            TELEFAX: (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO: 224:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;            LENGTH: 4015 base pairs
;            TYPE: nucleic acid
;            STRANDEDNESS: single
;            TOPOLOGY: linear
;       MOLECULE TYPE: cDNA
;       FEATURE:
;            NAME/KEY:  CDS
;            LOCATION:  56..3454
;            OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;            /note= "human telomerase reverse
;            transcriptase (hTRT) catalytic protein
;            component"
;       SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 224:
US-10-054-295-224

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:        4015
Score:                  5961.00        Matches:       1132
Percent Similarity:     100.00%        Conservative:  0
Best Local Similarity:  100.00%        Mismatches:    0
Query Match:            100.00%        Indels:        0
DB:                     14             Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-10-054-295-224 (1-4015)

Qy            1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy           21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy           41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy           61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy           81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy          101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy          121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy          141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db      476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535

Qy      161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy      181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655

Qy      201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy      221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775

Qy      241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835

Qy      261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895

Qy      281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955

Qy      301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1015

Qy      321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075

Qy      341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy      361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy      381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy      401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy      421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy      441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy      461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495

Qy      481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555

Qy      501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615

Qy      521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy      541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy      561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy      581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy      601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy      621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy      641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy      661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy      681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

Qy      701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215

Qy      721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

Qy      741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

Qy      761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

Qy      781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455

Qy      801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515

Qy      821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575

Qy      841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635

Qy      861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695
```

```
Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451

RESULT 10
US-10-054-611-224
; Sequence 224, Application US/10054611
; Publication No. US20030059787A1
;   GENERAL INFORMATION:
;        APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                   Lingner, Joachim
;                   Nakamura, Toru
;                   Chapman, Karen B.
;                   Morin, Gregg B.
;                   Harley, Calvin
;                   Andrews, William H.
;        TITLE OF INVENTION: No. US20030059787A1el Telomerase
;        NUMBER OF SEQUENCES: 225
;        CORRESPONDENCE ADDRESS:
;             ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;             STREET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
;             CITY: San Francisco
;             STATE: California
;             COUNTRY: United States of America
;             ZIP: 94111
;        COMPUTER READABLE FORM:
;             MEDIUM TYPE: Floppy disk
;             COMPUTER: IBM PC compatible
;             OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;             SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;        CURRENT APPLICATION DATA:
;             APPLICATION NUMBER: US/10/054,611
;             FILING DATE: 18-Jan-2002
;             CLASSIFICATION: 536
;        PRIOR APPLICATION DATA:
;             APPLICATION NUMBER: 08/854,050
;             FILING DATE: <Unknown>
;             APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;             FILING DATE: 25-APR-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;             FILING DATE: 18-APR-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;             FILING DATE: 01-OCT-1996
;        ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;             NAME: Apple,  Randolph T.
;             REGISTRATION NUMBER: 36,429
;             REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002930US
;        TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;             TELEPHONE: (415) 576-0200
;             TELEFAX: (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO: 224:
;        SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;             LENGTH: 4015 base pairs
;             TYPE: nucleic acid
;             STRANDEDNESS: single
;             TOPOLOGY: linear
;        MOLECULE TYPE: cDNA
;        FEATURE:
;             NAME/KEY:  CDS
;             LOCATION:  56..3454
;             OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;             /note= "human telomerase reverse
;             transcriptase (hTRT) catalytic protein
;             component"
;        SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 224:
US-10-054-611-224

Alignment Scores:
Pred. No.:              0             Length:        4015
Score:                  5961.00       Matches:       1132
Percent Similarity:     100.00%       Conservative:  0
Best Local Similarity:  100.00%       Mismatches:    0
Query Match:            100.00%       Indels:        0
DB:                     14            Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-10-054-611-224 (1-4015)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
```

```
Db    356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy    121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
Db    416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy    141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
Db    476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535

Qy    161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
Db    536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy    181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
Db    596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655

Qy    201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
Db    656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy    221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
Db    716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775

Qy    241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
Db    776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835

Qy    261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
Db    836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895

Qy    281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
Db    896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955

Qy    301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
Db    956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1015

Qy    321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
Db   1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075

Qy    341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
Db   1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy    361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
Db   1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy    381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
Db   1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy    401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
Db   1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy    421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
Db   1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy    441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
Db   1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy    461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
Db   1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495

Qy    481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
Db   1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555

Qy    501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
Db   1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615

Qy    521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
Db   1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy    541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
Db   1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy    561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
Db   1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy    581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
Db   1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy    601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
Db   1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy    621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
Db   1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy    641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
Db   1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy    661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
Db   2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy    681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
Db   2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

Qy    701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
Db   2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215

Qy    721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
Db   2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

Qy    741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
Db   2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

Qy    761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
Db   2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

Qy    781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
Db   2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455

Qy    801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
Db   2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515

Qy    821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
Db   2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575
```

```
Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451
```

RESULT 11
US-10-105-963-1
; Sequence 1, Application US/10105963
; Publication No. US20030068818A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Geron Corporation
; APPLICANT: Denning, Chris
; APPLICANT: Clark, A. John
; APPLICANT: Schiff, J. Michael
; TITLE OF INVENTION: Animal Tissue with Carbohydrate Antigens Compatible for Human
; TITLE OF INVENTION: Transplantation and a Carbohydrate Determinant Selection System
; TITLE OF INVENTION: Recombination
; FILE REFERENCE: 731/002
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/105,963
; CURRENT FILING DATE: 2002-03-21
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/277,811
; PRIOR FILING DATE: 2001-03-21
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 40
; SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 1
; LENGTH: 4015
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Homo sapiens
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (56)..(3454)
; OTHER INFORMATION:
US-10-105-963-1

```
Alignment Scores:
Pred. No.:              0           Length:        4015
Score:                  5961.00     Matches:       1132
Percent Similarity:     100.00%     Conservative:  0
Best Local Similarity:  100.00%     Mismatches:    0
Query Match:            100.00%     Indels:        0
DB:                     14          Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-10-105-963-1 (1-4015)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775
Qy    241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
Db    776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835
Qy    261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
Db    836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895
Qy    281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
Db    896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955
Qy    301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
Db    956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1015
Qy    321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
Db   1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075
Qy    341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
Db   1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135
Qy    361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
Db   1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195
Qy    381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
Db   1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255
Qy    401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
Db   1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315
Qy    421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
Db   1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375
Qy    441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
Db   1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435
Qy    461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
Db   1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495
Qy    481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
Db   1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555
Qy    501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
Db   1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615
Qy    521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
Db   1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675
Qy    541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
Db   1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735
Qy    561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
Db   1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795
Qy    581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
Db   1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855
```

```
Qy    601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
Db   1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915
Qy    621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
Db   1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975
Qy    641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
Db   1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035
Qy    661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
Db   2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095
Qy    681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
Db   2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155
Qy    701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
Db   2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215
Qy    721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
Db   2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275
Qy    741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
Db   2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335
Qy    761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
Db   2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395
Qy    781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
Db   2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455
Qy    801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
Db   2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515
Qy    821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
Db   2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575
Qy    841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
Db   2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635
Qy    861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
Db   2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695
Qy    881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
Db   2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755
Qy    901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
Db   2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815
Qy    921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
Db   2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875
Qy    941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
Db   2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935
```

```
Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451
```

RESULT 12

```
US-10-044-692-1
; Sequence 1, Application US/10044692
; Publication No. US20030096344A1
;   GENERAL INFORMATION:
;        APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                   Lingner, Joachim
;                   Nakamura, Toru
;                   Chapman, Karen B.
;                   Morin, Gregg B.
;                   Harley, Calvin
;                   Andrews, William H.
;        TITLE OF INVENTION: HUMAN TELOMERASE CATALYTIC SUBUNIT:  DIAGNOSTIC AND
;                            THERAPEUTIC METHODS
;        NUMBER OF SEQUENCES: 335
;        CORRESPONDENCE ADDRESS:
;             ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;             STREET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
;             CITY: San Francisco
;             STATE: California
;             COUNTRY: United States of America
;             ZIP: 94111
;        COMPUTER READABLE FORM:
;             MEDIUM TYPE: Floppy disk
;             COMPUTER: IBM PC compatible
;             OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;             SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;        CURRENT APPLICATION DATA:
;             APPLICATION NUMBER: US/10/044,692
;             FILING DATE: 11-Jan-2002
;             CLASSIFICATION: <Unknown>
;        PRIOR APPLICATION DATA:
;             APPLICATION NUMBER: 08/912,951
;             FILING DATE: <Unknown>
;             APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;             FILING DATE: 09-MAY-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;             FILING DATE: 06-MAY-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;             FILING DATE: 25-APR-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;             FILING DATE: 18-APR-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;             FILING DATE: 01-OCT-1996
;        ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;             NAME: Apple,  Randolph T.
;             REGISTRATION NUMBER: 36,429
;             REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002600US
;        TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;             TELEPHONE: (415) 576-0200
;             TELEFAX: (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
;        SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;             LENGTH: 4015 base pairs
;             TYPE: nucleic acid
;             STRANDEDNESS: single
;             TOPOLOGY: linear
;        MOLECULE TYPE: cDNA
;        FEATURE:
;             NAME/KEY:  CDS
;             LOCATION:  56..3454
;             OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;             /note= "human telomerase reverse
;             transcriptase (hTRT) catalytic protein
;             component"
;        SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1:
US-10-044-692-1
```

Alignment Scores:

Pred. No.:	0	Length:	4015
Score:	5961.00	Matches:	1132
Percent Similarity:	100.00%	Conservative:	0
Best Local Similarity:	100.00%	Mismatches:	0
Query Match:	100.00%	Indels:	0
DB:	14	Gaps:	0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-10-044-692-1 (1-4015)

```
Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535
```

```
Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1015

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451

RESULT 13
US-10-044-539-1
; Sequence 1, Application US/10044539
; Publication No. US20030100093A1
;   GENERAL INFORMATION:
;        APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                   Lingner, Joachim
;                   Nakamura, Toru
;                   Chapman, Karen B.
;                   Morin, Gregg B.
;                   Harley, Calvin
;                   Andrews, William H.
;        TITLE OF INVENTION: HUMAN TELOMERASE CATALYTIC SUBUNIT:  DIAGNOSTIC AND
;                            THERAPEUTIC METHODS
;        NUMBER OF SEQUENCES: 335
;        CORRESPONDENCE ADDRESS:
;             ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;             STREET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
;             CITY: San Francisco
;             STATE: California
;             COUNTRY: United States of America
;             ZIP: 94111
;        COMPUTER READABLE FORM:
;             MEDIUM TYPE: Floppy disk
;             COMPUTER: IBM PC compatible
;             OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;             SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;        CURRENT APPLICATION DATA:
;             APPLICATION NUMBER: US/10/044,539
;             FILING DATE: 11-Jan-2002
;             CLASSIFICATION: 435
;        PRIOR APPLICATION DATA:
;             APPLICATION NUMBER: 08/912,951
;             FILING DATE: <Unknown>
;             APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;             FILING DATE: 09-MAY-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;             FILING DATE: 06-MAY-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;             FILING DATE: 25-APR-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;             FILING DATE: 18-APR-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;             FILING DATE: 01-OCT-1996
;        ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;             NAME: Apple,  Randolph T.
;             REGISTRATION NUMBER: 36,429
;             REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002600US
;        TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;             TELEPHONE: (415) 576-0200
;             TELEFAX: (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
;        SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;             LENGTH: 4015 base pairs
;             TYPE: nucleic acid
;             STRANDEDNESS: single
;             TOPOLOGY: linear
;        MOLECULE TYPE: cDNA
;        FEATURE:
;             NAME/KEY:  CDS
;             LOCATION:  56..3454
;             OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;             /note= "human telomerase reverse
;             transcriptase (hTRT) catalytic protein
;             component"
;        SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1:
US-10-044-539-1

Alignment Scores:
Pred. No.:              0            Length:        4015
Score:                  5961.00      Matches:       1132
Percent Similarity:     100.00%      Conservative:  0
Best Local Similarity:  100.00%      Mismatches:    0
Query Match:            100.00%      Indels:        0
DB:                     15           Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-10-044-539-1 (1-4015)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy    101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy    121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy    141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535

Qy    161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy    181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655

Qy    201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy    221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775

Qy    241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835

Qy    261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895

Qy    281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955

Qy    301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1015

Qy    321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075

Qy    341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy    361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy    381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy    401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy    421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy    441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy    461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495

Qy    481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555

Qy    501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615

Qy    521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy    541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy    561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy    581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy    601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy    621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy    641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy    661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy    681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

Qy    701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215

Qy    721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

Qy    741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

Qy    761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

Qy    781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455

Qy    801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515
```

```
Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451
```

```
RESULT 14
US-10-325-810-1
; Sequence 1, Application US/10325810
; Publication No. US20030204069A1
;   GENERAL INFORMATION:
;        APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                   Lingner, Joachim
;                   Nakamura, Toru
;                   Chapman, Karen B.
;                   Morin, Gregg B.
;                   Harley, Calvin B.
;                   Andrews, William H.
;        TITLE OF INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit
;        NUMBER OF SEQUENCES: 633
;        CORRESPONDENCE ADDRESS:
;             ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;             STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;             CITY: San Francisco
;             STATE: California
;             COUNTRY: USA
;             ZIP: 94111-3834
;        COMPUTER READABLE FORM:
;             MEDIUM TYPE: Floppy disk
;             COMPUTER: IBM PC compatible
;             OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;             SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;        CURRENT APPLICATION DATA:
;             APPLICATION NUMBER: US/10/325,810
;             FILING DATE: 20-Dec-2002
;             CLASSIFICATION: <Unknown>
;        PRIOR APPLICATION DATA:
;             APPLICATION NUMBER: US/09/402,181
;             FILING DATE: 29-Sep-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;             FILING DATE: 01-OCT-1996
;             APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;             FILING DATE: 18-APR-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;             FILING DATE: 25-APR-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;             FILING DATE: 06-MAY-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;             FILING DATE: 09-MAY-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/911,312
;             FILING DATE: 14-AUG-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/912,951
;             FILING DATE: 14-AUG-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;             FILING DATE: 14-AUG-1997
;             APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;             FILING DATE: 01-OCT-1997
;        ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;             NAME: Ausenhus, Scott L.
;             REGISTRATION NUMBER: 42,271
;             REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002620US
;        TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;             TELEPHONE: (415) 576-0200
;             TELEFAX: (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
;        SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;             LENGTH: 4015 base pairs
;             TYPE: nucleic acid
;             STRANDEDNESS: single
;             TOPOLOGY: linear
;        MOLECULE TYPE: cDNA
;        FEATURE:
;             NAME/KEY:  CDS
;             LOCATION:  56..3454
;             OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;             /note= "human telomerase reverse
;             transcriptase (hTRT) catalytic protein
;             component"
;        SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1:
US-10-325-810-1

Alignment Scores:
Pred. No.:               0              Length:         4015
Score:                   5961.00        Matches:        1132
Percent Similarity:      100.00%        Conservative:   0
Best Local Similarity:   100.00%        Mismatches:     0
Query Match:             100.00%        Indels:         0
DB:                      15             Gaps:           0
```

```
US-10-044-692-2 (1-1132) x US-10-325-810-1 (1-4015)
Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1015

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215
```

```
Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451

RESULT 15
US-10-388-578-1
; Sequence 1, Application US/10388578
; Publication No. US20030224411A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Stanton, Lawrence
;  APPLICANT:  Ralph, Brandenberger
;  APPLICANT:  Joseph, Gold D.
;  APPLICANT:  John, Irving
;  APPLICANT:  Mandalam, Ramkumar
;  APPLICANT:  Mok, Michael
;  APPLICANT:  Shelton, Dawne
;  TITLE OF INVENTION: Genes that are Up- or Down-Regulated During Differentiation of Hun
;  TITLE OF INVENTION:  Embryonic Stem Cells
;  FILE REFERENCE: 135/001
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/388,578
;  CURRENT FILING DATE:  2003-03-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 139
;  SOFTWARE: Custom
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 4015
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (56)..(3454)
;   OTHER INFORMATION:
US-10-388-578-1

Alignment Scores:
Pred. No.:               0              Length:        4015
Score:                   5961.00        Matches:       1132
Percent Similarity:      100.00%        Conservative:  0
Best Local Similarity:   100.00%        Mismatches:    0
Query Match:             100.00%        Indels:        0
DB:                      15             Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x US-10-388-578-1 (1-4015)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1015

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575
```

```
Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451
```

Search completed: October 29, 2004, 16:24:57
Job time : 1435 secs

OM protein - nucleic search, using frame_plus_p2n model

Run on: October 28, 2004, 09:37:01 ; Search time 1193 Seconds
(without alignments)
4981.010 Million cell updates/sec

Title: US-10-044-692-2
Perfect score: 5961
Sequence: 1 MPRAPRCRAVRSLLRSHYRE..........TALEAAANPALPSDFKTILD 1132

Scoring table: BLOSUM62
Xgapop 10.0 , Xgapext 0.5
Ygapop 10.0 , Ygapext 0.5
Fgapop 6.0 , Fgapext 7.0
Delop 6.0 , Delext 7.0

Searched: 4134886 seqs, 2624710521 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 8269772

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Command line parameters:
```
-MODEL=frame+_p2n.model -DEV=xlh
-Q=/cgn2_1/USPTO_spool/US10044692/runat_28102004_103654_1349/app_query.fasta_1.1287
-DB=N_Geneseq_23Sep04 -QFMT=fastap -SUFFIX=rng -MINMATCH=0.1 -LOOPCL=0
-LOOPEXT=0 -UNITS=bits -START=1 -END=-1 -MATRIX=blosum62 -TRANS=human40.cdi
-LIST=45 -DOCALIGN=200 -THR_SCORE=pct -THR_MAX=100 -THR_MIN=0 -ALIGN=15
-MODE=LOCAL -OUTFMT=pto -NORM=ext -HEAPSIZE=500 -MINLEN=0 -MAXLEN=2000000000
-USER=US10044692_@CGN_1_1_683_@runat_28102004_103654_1349 -NCPU=6 -ICPU=3
-NO_MMAP -LARGEQUERY -NEG_SCORES=0 -WAIT -DSPBLOCK=100 -LONGLOG
-DEV_TIMEOUT=120 -WARN_TIMEOUT=30 -THREADS=1 -XGAPOP=10 -XGAPEXT=0.5 -FGAPOP=6
-FGAPEXT=7 -YGAPOP=10 -YGAPEXT=0.5 -DELOP=6 -DELEXT=7
```

Database : N_Geneseq_23Sep04:*
1: geneseqn1980s:*
2: geneseqn1990s:*
3: geneseqn2000s:*
4: geneseqn2001as:*
5: geneseqn2001bs:*
6: geneseqn2002as:*
7: geneseqn2002bs:*
8: geneseqn2003as:*
9: geneseqn2003bs:*
10: geneseqn2003cs:*
11: geneseqn2003ds:*
12: geneseqn2004s:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

	Result No.	Score	% Query Match	Length	DB	ID	Description
	1	5961	100.0	3396	4	AAH48235	Aah48235 Heart mus
	2	5961	100.0	3396	4	AAH49601	Aah49601 Human cod
	3	5961	100.0	3396	4	AAH44366	Aah44366 Human tel
	4	5961	100.0	3396	12	ADG70113	Adg70113 hTERT cod
	5	5961	100.0	3399	6	ABV78144	Abv78144 Human tel
	6	5961	100.0	3399	6	ABZ35720	Abz35720 Human elo
	7	5961	100.0	3399	6	ABX09963	Abx09963 Human tel
	8	5961	100.0	3399	6	ABL91685	Abl91685 Human pol
	9	5961	100.0	3399	12	ADG90598	Adg90598 Human TER
	10	5961	100.0	3798	2	AAV27876	Aav27876 Human tel
	11	5961	100.0	3955	2	AAV22379	Aav22379 Human tel
	12	5961	100.0	4015	2	AAZ00724	Aaz00724 Human tel
	13	5961	100.0	4015	2	AAZ20279	Aaz20279 Human tel
	14	5961	100.0	4015	2	AAZ30154	Aaz30154 cDNA enco
	15	5961	100.0	4015	4	AAH45901	Aah45901 Human hTE
	16	5961	100.0	4015	6	AAD46821	Aad46821 Human tel
	17	5961	100.0	4015	6	ABA97534	Aba97534 Cancer ce
	18	5961	100.0	4015	8	ACC57552	Acc57552 Human tel
	19	5961	100.0	4015	8	ABZ22474	Abz22474 Human tel
	20	5961	100.0	4015	8	ACC44482	Acc44482 Human tel
	21	5961	100.0	4015	8	ABZ18391	Abz18391 Group III
	22	5961	100.0	4015	10	ACC58039	Acc58039 Human tel
	23	5961	100.0	4015	12	ADG85223	Adg85223 Human tel
	24	5961	100.0	4015	12	ADI82171	Adi82171 Human cDN
	25	5961	100.0	4042	2	AAV72117	Aav72117 Human cat
	26	5961	100.0	4070	6	ABL53711	Abl53711 Human tel
	27	5956	99.9	4015	2	AAZ08150	Aaz08150 Human tel
	28	5954	99.9	3396	2	AAX18266	Aax18266 Telomeras
	29	5954	99.9	3964	2	AAX18254	Aax18254 Human tel
	30	5954	99.9	4023	2	AAV60320	Aav60320 Human tel
	31	5954	99.9	4027	2	AAX89424	Aax89424 Human EST
	32	5954	99.9	4027	3	AAA29388	Aaa29388 hEST2, a
	33	5954	99.9	4027	10	ADC47060	Adc47060 Human TER
	34	5954	99.9	4027	10	ADE40481	Ade40481 Human tel
	35	5952	99.8	3452	8	ABZ76217	Abz76217 Human TER
	36	5952	99.8	4037	2	AAV22428	Aav22428 Human tel
	37	5952	99.8	3766	6	AAD46790	Aad46790 pGRN145 p
c	38	5925	99.4	8742	6	AAD46793	Aad46793 pWGB5a pl
	39	5903	99.0	3500	2	AAX18275	Aax18275 Telomeras
	40	5882	98.7	3918	2	AAX18269	Aax18269 Telomeras
	41	5882	98.7	3918	2	AAX18278	Aax18278 Telomeras
	42	5872	98.5	3543	8	ABZ69628	Abz69628 Plasmid c
	43	5631	94.5	3203	2	AAX18268	Aax18268 Altered C
	44	5601	94.0	3323	2	AAX18277	Aax18277 Altered C
	45	5593.5	93.8	3855	2	AAV22382	Aav22382 Human tel

ALIGNMENTS

RESULT 1
AAH48235
ID AAH48235 standard; DNA; 3396 BP.
XX
AC AAH48235;
XX
DT 21-SEP-2001 (first entry)
XX
DE Heart muscle cell differentiation related DNA SEQ ID NO: 32.
XX
KW Heart muscle cell; human; cell differentiation; heart disease; ds.
XX
OS Homo sapiens.
XX
PN WO200148151-A1.
XX
PD 05-JUL-2001.
XX
PF 27-DEC-2000; 2000WO-JP009323.
XX
PR 28-DEC-1999; 99JP-00372826.
PR 28-FEB-2000; 2000WO-JP001148.
PR 02-NOV-2000; 2000WO-JP007741.
XX
PA (KYOW) KYOWA HAKKO KOGYO KK.
XX
PI Umezawa A, Hata J, Fukuda K, Ogawa S, Sakurada K, Gojo S;
PI Yamada Y;
XX
DR WPI; 2001-425656/45.

```
DR   P-PSDB; AAG64859.
XX
PT   Cells capable of differentiating into cardiomyocytes and originating in
PT   bone marrow or umbilical blood cells for study of cardiomyocyte
PT   differentiation and treatment of heart disease.
XX
PS   Disclosure; Page 147-153; 183pp; Japanese.
XX
CC   The present invention provides cells originating in the human bone marrow
CC   or umbilical blood cells which are capable of differentiating into
CC   cardiomyocytes. These cells are useful in the treatment of diseases
CC   involving heart muscle degeneration, such as myocardial infarction, and
CC   the study of cardiomyocyte differentiation. The present sequence is an
CC   oligonucleotide described in the exemplification of the invention
XX
SQ   Sequence 3396 BP; 549 A; 1157 C; 1088 G; 602 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.38e-218     Length:         3396
Score:                  5961.00       Matches:        1132
Percent Similarity:     100.00%       Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%       Mismatches:     0
Query Match:            100.00%       Indels:         0
DB:                     4             Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AAH48235 (1-3396)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 960

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1020

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1080

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1140

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1200

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1260

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1320

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1380

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1800
```

```
Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1860

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1920

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 1980

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2040

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2100

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2160

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2220

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2280

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2340

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2400

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3396
```

RESULT 2
AAH49601

```
ID   AAH49601 standard; DNA; 3396 BP.
XX
AC   AAH49601;
XX
DT   24-SEP-2001  (first entry)
XX
DE   Human coding sequence #2.
XX
KW   Angiogenesis; cardiant; cell differentiating agent; bone marrow;
KW   heart muscle cell; heart disease; human; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200148149-A1.
XX
PD   05-JUL-2001.
XX
PF   28-FEB-2000; 2000WO-JP001148.
XX
PR   28-DEC-1999;   99JP-00372826.
XX
PA   (KYOW ) KYOWA HAKKO KOGYO KK.
XX
PI   Umezawa A,  Hata J,  Fukuda K,  Ogawa S,  Sakurada K;
XX
DR   WPI; 2001-418252/44.
DR   P-PSDB; AAG64329.
XX
PT   New adult bone marrow-originated cells capable of differentiating into
PT   heart muscle cells, applicable as remedies for various heart diseases
PT   particularly with damaged heart muscle accompanying degeneration.
XX
PS   Disclosure; Page 134-142; 158pp; Japanese.
XX
CC   The present invention relates to cells isolated from bone marrow, which
```

```
CC   are capable of at least differentiating into heart muscle cells. The
CC   cells are applicable as remedies for various heart diseases particularly
CC   with damaged heart muscle accompanying degeneration. The present sequence
CC   was used to illustrate the present invention
XX
SQ   Sequence 3396 BP; 549 A; 1157 C; 1088 G; 602 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.38e-218      Length:         3396
Score:                  5961.00        Matches:        1132
Percent Similarity:     100.00%        Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%        Mismatches:     0
Query Match:            100.00%        Indels:         0
DB:                     4              Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AAH49601 (1-3396)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 960

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1020

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1080

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1140

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1200

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1260

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1320

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1380

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1800

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1860

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1920

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 1980

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2040

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2100

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2160

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2220

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2280

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2340

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2400

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3396
```

```
RESULT 3
AAH44366
ID   AAH44366 standard; cDNA; 3396 BP.
XX
AC   AAH44366;
XX
DT   26-SEP-2001  (first entry)
XX
DE   Human telomerase nucleotide sequence SEQ ID NO:32.
XX
KW   Differentiation; heart muscle cell; cytokine; transcription factor;
KW   proliferation; surface antigen; heart disease; cardiomyocyte;
KW   bone marrow; umbilical blood cell; heart muscle degeneration;
KW   myocardial infarction; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200148150-A1.
XX
PD   05-JUL-2001.
XX
PF   02-NOV-2000; 2000WO-JP007741.
XX
PR   28-DEC-1999;   99JP-00372826.
PR   28-FEB-2000; 2000WO-JP001148.
XX
PA   (KYOW ) KYOWA HAKKO KOGYO KK.
XX
PI   Umezawa A,  Hata J,  Fukuda K,  Ogawa S,  Sakurada K,  Gojo S;
PI   Yamada Y;
XX
DR   WPI; 2001-425655/45.
DR   P-PSDB; AAB99930.
XX
PT   Cells capable of differentiating into cardiomyocytes and originating in
PT   bone marrow or umbilical blood cells for study of cardiomyocyte
PT   differentiation and treatment of heart disease.
XX
PS   Disclosure; Page 141-147; 187pp; Japanese.
XX
CC   The present invention describes cells originating in bone marrow or
CC   umbilical blood cells which are capable of differentiating into
CC   cardiomyocytes. Also described are: (1) cardiomyocytes produced by the
CC   differentiation of the cells; (2) a method for carrying out the
CC   differentiation into cardiomyocytes, regulated by a promotional and/or
CC   inhibitory factor; (3) a method for the differentiation of the cells into
CC   cell types other than cardiomyocytes; (4) drug compositions promoting the
```

```
CC   formation of heart muscle and regeneration of heart tissue which contain
CC   the cells; (5) a method for the production of antibodies which recognise
CC   the cells, especially antibodies which recognise a surface antigen on the
CC   cells; (6) a method for screening factors which promote the proliferation
CC   of the cells; (7) a method for immortalising the cells by expressing
CC   telomerase in them; (8) drug compositions for the treatment of heart
CC   disease which contain the immortalised cells; and (9) cell-free
CC   supernatant from the culture of the cells and its use in promoting their
CC   differentiation into cardiomyocytes. The cells are used in the treatment
CC   of diseases involving heart muscle degeneration, such as myocardial
CC   infarction and in the study of cardiomyocyte differentiation. AAH44351 to
CC   AAH44409 and AAB99915 to AAB99935 represent sequences used in the
CC   exemplification of the present invention
XX
SQ   Sequence 3396 BP; 549 A; 1157 C; 1088 G; 602 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.38e-218      Length:        3396
Score:                  5961.00        Matches:       1132
Percent Similarity:     100.00%        Conservative:  0
Best Local Similarity:  100.00%        Mismatches:    0
Query Match:            100.00%        Indels:        0
DB:                     4              Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AAH44366 (1-3396)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 960

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1020

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1080

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1140

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1200

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1260

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1320

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1380

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1800
```

```
Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1860

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1920

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 1980

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2040

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2100

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2160

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2220

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2280

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2340

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2400

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3396

RESULT 4
ADG70113
ID   ADG70113 standard; DNA; 3396 BP.
XX
AC   ADG70113;
XX
DT   11-MAR-2004  (first entry)
XX
DE   hTERT coding sequence.
XX
KW   ds; gene; cytostatic; gene therapy; reverse transcriptase-Inhibitor;
KW   HIV-1; reverse transcriptase; human telomerase reverse transcriptase;
KW   hTERT; chimeric; catalytic site; unregulated cellular growth; cancer;
KW   tumor.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO2003095605-A2.
XX
PD   20-NOV-2003.
XX
PF   14-APR-2003; 2003WO-EP003874.
XX
PR   08-MAY-2002; 2002US-0378820P.
XX
PA   (PHAA ) PHARMACIA ITAL SPA.
XX
PI   Moll J,  Schnuchel A,  Stouten P;
XX
DR   WPI; 2004-012095/01.
DR   P-PSDB; ADG70114.
XX
PT   New HIV-1 Reverse Transcriptase and human Telomerase Reverse
PT   Transcriptase proteins and nucleic acids, useful in gene therapy or for
PT   treating or preventing unregulated cellular growth, e.g. cancer cell or
PT   tumor growth.
XX
PS   Example 1; SEQ ID NO 3; 141pp; English.
```

```
XX
CC   The invention relates to the isolation of compounds that bind and inhibit
CC   the activity of HIV-1 reverse transcriptase (RT) or human telomerase
CC   reverse transcriptase (hTERT). The method involves determining these
CC   compounds using a HIV-1 RT/hTERT chimeric construct containing the
CC   catalytic sites of each enzyme. The nucleic acid is useful for treating
CC   or preventing unregulated cellular growth, including cancer cell and
CC   tumor growth. It is also useful in gene therapy. Compounds that inhibit
CC   telomerase activity can be used to treat cancer. The vectors of the
CC   invention can be used to amplify DNA or RNA encoding HIV-RT/hTERT and/or
CC   express DNA which encodes HIV-RT/hTERT. This sequence corresponds to a
CC   coding sequence for the human TERT protein.
XX
SQ   Sequence 3396 BP; 549 A; 1157 C; 1088 G; 602 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.38e-218     Length:          3396
Score:                  5961.00       Matches:         1132
Percent Similarity:     100.00%       Conservative:    0
Best Local Similarity:  100.00%       Mismatches:      0
Query Match:            100.00%       Indels:          0
DB:                     12            Gaps:            0

US-10-044-692-2 (1-1132) x ADG70113 (1-3396)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 960

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1020

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1080

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1140

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1200

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1260

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1320

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1380

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1800

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1860

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1920

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 1980

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2040

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2100

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2160

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2220

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2280

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2340

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2400

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3396
```

```
RESULT 5
ABV78144
ID   ABV78144 standard; DNA; 3399 BP.
XX
AC   ABV78144;
XX
DT   15-NOV-2002  (first entry)
XX
DE   Human telomerase reverse transcriptase DNA SEQ ID NO 28.
XX
KW   RNA inhibition; dsRNA1; gene expression inhibitor; oncogene; cytostatic;
KW   virucide; protozoacide; gene; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200255693-A2.
XX
PD   18-JUL-2002.
XX
PF   09-JAN-2002; 2002WO-EP000152.
XX
PR   09-JAN-2001; 2001DE-01000586.
PR   26-OCT-2001; 2001DE-01055280.
PR   29-NOV-2001; 2001DE-01058411.
PR   07-DEC-2001; 2001DE-01060151.
XX
PA   (RIBO-) RIBOPHARMA AG.
XX
PI   Kreutzer R,  Limmer S,  Rost S,  Hadwiger P;
XX
DR   WPI; 2002-590671/63.
XX
PT   Inhibiting expression of target gene, useful e.g. for inhibiting
PT   oncogenes, by administering double-stranded RNA complementary to the
PT   target and having an overhang.
XX
PS   Claim 10; Page 129-130; 203pp; German.
XX
CC   The invention relates to inhibiting expression of a target gene (I) in a
```

```
CC   cell by introducing an inhibitory RNA (dsRNA1) having a double-stranded
CC   structure of at most 49 consecutive bases. At least part of one strand
CC   (as1) of dsRNA1 is complementary to (I) and at least one end of dsRNA1
CC   has an overhang of 1-4 nucleotides. The method is used to inhibit the
CC   expression of a wide range of genes, e.g. oncogenes, cytokine genes etc.
CC   in humans, also genes in Plasmodium or in viruses or viroids that are
CC   pathogenic for humans, animals or plants. Introducing an overhang into
CC   dsRNA greatly increases effectiveness for inhibiting gene expression,
CC   both in vivo and in vitro and also increases stability and thus the
CC   effective concentration inside the cell. The present sequence is that of
CC   a gene related to the invention
XX
SQ   Sequence 3399 BP; 550 A; 1157 C; 1089 G; 603 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.38e-218     Length:         3399
Score:                  5961.00       Matches:        1132
Percent Similarity:     100.00%       Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%       Mismatches:     0
Query Match:            100.00%       Indels:         0
DB:                     6             Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x ABV78144 (1-3399)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 960

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1020

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1080

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1140

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1200

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1260

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1320

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1380

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1800

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       1801 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1860

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1920

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 1980

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2040

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2100

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2160

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2220

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2280

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2340

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2400

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3396
```

```
RESULT 6
ABZ35720
ID   ABZ35720 standard; DNA; 3399 BP.
XX
AC   ABZ35720;
XX
DT   07-FEB-2003  (first entry)
XX
DE   Human elomerase reverse transcrippolynucleotide SEQ ID NO 28.
XX
KW   Double stranded RNA; dsRNA; RNAi; RNA inhibition; cytostatic; virucide;
KW   protozoacide; gene expression; antisense; tumour; infection; Plasmodium;
KW   virus; viroid; anti-GFP; human; HIV; human immunodeficiency virus;
KW   Hepatitis C virus; human papilloma virus; gene; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   DE10100588-A1.
XX
PD   18-JUL-2002.
XX
PF   09-JAN-2001; 2001DE-01000588.
XX
PR   09-JAN-2001; 2001DE-01000588.
XX
PA   (RIBO-) RIBOPHARMA AG.
XX
PI   Kreutzer R,  Limmer S,  Rost S,  Hadwiger P;
XX
DR   WPI; 2002-683450/74.
XX
PT   Inhibiting expression of target genes, useful e.g. for treating tumors,
PT   by introducing into cells two double-stranded RNAs that are complementary
PT   to the target.
XX
PS   Claim 13; Page 25-26; 100pp; German.
XX
CC   The invention relates to inhibiting expression of a target gene in a cell
CC   by introducing at least two oligoribonucleotides (dsRNAI and II), both
CC   with a double-stranded (ds) structure of at most 49 sequential nucleotide
```

```
CC   pairs. At least part of one strand (S1, S2) of the ds structures in each
CC   of dsRNAI and II are complementary to regions in the target gene. The
CC   method uses antisense inhibition of gene expression using double stranded
CC   RNA inhibition (RNAi). The method is particularly used to treat tumours
CC   or infections, especially by Plasmodium or viruses/viroids (pathogenic on
CC   humans, animals or plants). The method provides more effective inhibition
CC   of expression than known methods using a single dsRNA, even at very low
CC   concentrations. When dsRNA has at least one unpaired nucleotide at the
CC   end, stability (and thus effective concentration in the cell) is improved
CC   and efficiency can be increased further by pretreating the cells with
CC   interferon. The present sequence is that of a target DNA of the invention
XX
SQ   Sequence 3399 BP; 550 A; 1157 C; 1089 G; 603 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.38e-218     Length:         3399
Score:                  5961.00       Matches:        1132
Percent Similarity:     100.00%       Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%       Mismatches:     0
Query Match:            100.00%       Indels:         0
DB:                     6             Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x ABZ35720 (1-3399)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 960

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1020

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1080

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1140

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1200

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1260

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1320

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1380

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1800

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       1801 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1860

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1920

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 1980

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2040

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2100

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2160

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2220

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2280

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2340

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2400

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3396

RESULT 7
ABX09963
ID   ABX09963 standard; DNA; 3399 BP.
XX
AC   ABX09963;
XX
DT   23-JAN-2003  (first entry)
XX
DE   Human telomerase reverse transcriptase DNA fragment SEQ ID 28.
XX
KW   Oligoribonucleotide; interferon; oncogene; cytokine; Id; developmental;
KW   prion; inhibition; human; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   DE10100587-C1.
XX
PD   21-NOV-2002.
XX
PF   09-JAN-2001; 2001DE-01000587.
XX
PR   09-JAN-2001; 2001DE-01000587.
XX
PA   (RIBO-) RIBOPHARMA AG.
XX
PI   Kreutzer R,  Limmer S,  Rost S,  Hadwiger P;
XX
DR   WPI; 2002-742209/81.
XX
PT   Inhibiting expression of target genes, e.g. oncogenes, in cells, by
PT   introduction of complementary double-stranded oligoribonucleotide, after
PT   treating the cell with interferon.
XX
PS   Disclosure; Page 30-31; 98pp; German.
XX
CC   This invention describes a novel method for inhibiting expression of a
CC   target gene by introducing into the cell that contains the target gene at
CC   least one oligoribonucleotide (dsRNAI) that has a double-stranded (ds)
CC   structure of not more than 49 consecutive nucleotides (nt), where at
CC   least a segment of one strand of the ds structure is complementary with
```

```
CC   the target gene and the cells are treated with interferon before
CC   introduction of dsRNAI. The method is used to inhibit expression of
CC   target genes, particularly oncogenes, cytokine genes, Id (not defined)
CC   protein genes; developmental or prion genes, or genes expressed in
CC   pathogenic organisms (particularly plasmodia) or in viruses or viroids
CC   (pathogenic in humans, animals or plants). Treating the cells with
CC   interferon greatly increases the extent to which dsRNA can inhibit
CC   expression of the target genes, and the effect is even greater when dsRNA
CC   are modified to increase their stability. ABX09936-ABX10075 represent
CC   gene fragments used to illustrate the method of the invention
XX
SQ   Sequence 3399 BP; 550 A; 1157 C; 1089 G; 603 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.38e-218     Length:        3399
Score:                  5961.00       Matches:       1132
Percent Similarity:     100.00%       Conservative:  0
Best Local Similarity:  100.00%       Mismatches:    0
Query Match:            100.00%       Indels:        0
DB:                     6             Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x ABX09963 (1-3399)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 960

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1020

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1080

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1140

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1200

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1260

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1320

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1380

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1800

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1860
```

```
Qy      621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1861 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1920

Qy      641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1921 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 1980

Qy      661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1981 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2040

Qy      681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2041 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2100

Qy      701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2101 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2160

Qy      721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2161 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2220

Qy      741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2221 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2280

Qy      761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2281 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2340

Qy      781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2341 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2400

Qy      801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2401 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2460

Qy      821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2461 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2520

Qy      841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2521 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2580

Qy      861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2581 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2640

Qy      881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2641 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2700

Qy      901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2701 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2760

Qy      921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2761 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2820

Qy      941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2821 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2880

Qy      961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2881 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2940

Qy      981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2941 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3000

Qy     1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3001 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3060

Qy     1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3061 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3120

Qy     1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3121 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3180

Qy     1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3181 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3240

Qy     1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3241 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3300

Qy     1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3301 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3360

Qy     1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3361 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3396
```

RESULT 8
ABL91685
ID   ABL91685 standard; DNA; 3399 BP.
XX
AC   ABL91685;
XX
DT   28-MAY-2002 (first entry)
XX
DE   Human polynucleotide SEQ ID NO 28.
XX
KW   Human; HIV; HCV; gene expression; oligoribonucleotide; tumour; pathogen;
KW   Plasmodium; virus; viroid; cytokine; prion; antisense oligonucleotide;
KW   cytostatic; virucide; protozoacide; antibacterial; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   DE10100586-C1.
XX
PD   11-APR-2002.
XX
PF   09-JAN-2001; 2001DE-01000586.
XX
PR   09-JAN-2001; 2001DE-01000586.
XX
PA   (RIBO-) RIBOPHARMA AG.
XX
PI   Kreutzer R, Limmer S, Rost S, Hadwiger P;
XX
DR   WPI; 2002-270454/32.
XX
PT   Inhibiting gene expression in cells, useful for e.g. treating tumors, by
PT   introducing double-stranded complementary oligoRNA having unpaired
PT   terminal bases.
XX
PS   Claim 13; Page 27-28; 104pp; German.
XX
CC   The invention relates to a method for inhibiting expression of a target
CC   gene (ABL91658-ABL91797) in a cell by introducing at least one
CC   oligoribonucleotide that has a double-stranded structure consisting of at
CC   most 49 sequential nucleotide pairs, with at least part of one strand
CC   complementary with the target gene and has at least one end a single-

```
CC   stranded segment of 1-4 nt. The method provides oligoribonucleotides for
CC   antisense inhibition of gene expression useful e.g. for treating tumours
CC   but the oligoribonucleotides may also be directed against genes present
CC   in pathogens (e.g. Plasmodium or viruses/viroids, pathogenic on humans,
CC   animals or plants) or against cytokine, Id, developmental or prion genes.
CC   The method provides more effective inhibition of gene expression than use
CC   of known oligonucleotides, probably because the unpaired overhang
CC   increases stability and thus intracellular concentration
XX
SQ   Sequence 3399 BP; 550 A; 1157 C; 1089 G; 603 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.38e-218     Length:        3399
Score:                  5961.00       Matches:       1132
Percent Similarity:     100.00%       Conservative:  0
Best Local Similarity:  100.00%       Mismatches:    0
Query Match:            100.00%       Indels:        0
DB:                     6             Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x ABL91685 (1-3399)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 960

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1020

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1080

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1140

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1200

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1260

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1320

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1380

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1800

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1860

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1861 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1920

Qy         641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1921 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 1980

Qy         661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1981 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2040

Qy         681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2041 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2100

Qy         701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2101 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2160

Qy         721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2161 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2220

Qy         741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2221 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2280

Qy         761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2281 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2340

Qy         781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2341 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2400

Qy         801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2401 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2460

Qy         821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2461 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2520

Qy         841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2521 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2580

Qy         861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2581 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2640

Qy         881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2641 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2700

Qy         901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2701 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2760

Qy         921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2761 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2820

Qy         941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2821 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2880

Qy         961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2881 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2940

Qy         981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3000

Qy        1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3060

Qy        1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3120

Qy        1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3180

Qy        1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3181 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3240

Qy        1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3241 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3300

Qy        1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3301 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3360

Qy        1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3396
```

```
RESULT 9
ADG90598
ID   ADG90598 standard; DNA; 3399 BP.
XX
AC   ADG90598;
XX
DT   25-MAR-2004  (first entry)
XX
DE   Human TERT gene SEQ ID NO:1.
XX
KW   ds; gene; human; immune response; telomerase reverse transcriptase; TERT;
KW   cytostatic; immunostimulant; cancer; cytotoxic T cell response.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             1. .3399
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "TERT"
XX
PN   WO2004002408-A2.
XX
PD   08-JAN-2004.
XX
PF   24-JUN-2003; 2003WO-US019844.
XX
PR   27-JUN-2002; 2002US-0393295P.
XX
PA   (GERO-) GERON CORP.
XX
PI   Majumdar A,  Ferber IA,  Frolkis M,  Wang Z;
XX
DR   WPI; 2004-071946/07.
DR   P-PSDB; ADG90599.
XX
PT   Eliciting an immune response in a mammal specific for its own telomerase
PT   reverse transcriptase (TERT), useful for treating or preventing cancer,
PT   comprises administering a composition containing TERT of another
PT   mammalian species.
XX
PS   Disclosure; SEQ ID NO 1; 44pp; English.
XX
CC   The invention relates to a novel method for eliciting an immune response
```

```
CC   in a mammalian subject that is specific for its own telomerase reverse
CC   transcriptase (TERT), comprising administering an immunogenic composition
CC   containing a protein with at least 20 consecutive amino acids of TERT of
CC   another mammalian species, or a nucleic acid encoding the protein. A
CC   composition of the invention has cytostatic, and immunostimulant
CC   activity. The protein or the nucleic acid encoding the protein is useful
CC   in the manufacture of a medicament for the treatment of cancer in a human
CC   or for eliciting a cytotoxic T cell response in a human.
XX
SQ   Sequence 3399 BP; 550 A; 1157 C; 1089 G; 603 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.38e-218      Length:         3399
Score:                  5961.00        Matches:        1132
Percent Similarity:     100.00%        Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%        Mismatches:     0
Query Match:            100.00%        Indels:         0
DB:                     12             Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x ADG90598 (1-3399)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 60

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 120

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 180

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 240

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 300

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 360

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 420

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 480

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 540

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 600

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 660

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 720

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 780

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 840

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 900

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 960

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1020

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1080

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1140

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1200

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1260

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1320

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1380

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1440

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1500

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1560

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1620

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1680

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1740

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1800

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1860

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1920

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 1980

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2040

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2100

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2160

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2220

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2280

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2340

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2400

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2460

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2520

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2580

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2640

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2700

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2760

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2820

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2880

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2940

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3000

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3060

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3120

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3180

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3240

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3300

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3360

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3396
```

```
RESULT 10
AAV27876
ID   AAV27876 standard; cDNA; 3798 BP.
XX
AC   AAV27876;
XX
DT   25-MAR-2003  (revised)
DT   12-OCT-1998  (first entry)
XX
DE   Human telomerase protein 2 (TP2) full-length cDNA.
XX
KW   TP2; human; telomerase protein 2; cancer; AIDS; ageing; therapy; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             2. .3466
FT                   /*tag=  a
XX
PN   WO9821343-A1.
XX
PD   22-MAY-1998.
XX
PF   13-NOV-1997;   97WO-US021248.
XX
PR   15-NOV-1996;   96US-00751189.
PR   11-JUN-1997;   97US-00873039.
PR   16-OCT-1997;   97US-00951733.
XX
PA   (AMGE-) AMGEN INC.
PA   (AMGE-) AMGEN CANADA INC.
XX
PI   Harrington LA,  Robinson MO;
XX
DR   WPI; 1998-297946/26.
DR   P-PSDB; AAW27876.
XX
PT   New nucleic acid encoding human telomer
PT   regulating telomerase activity, e.g. f
PT   immune deficiency syndrome.
XX
PS   Claim 1c; Fig 8; 150pp; English.
XX
```

Page 20
GCCAGCCCCGGGT 727
ProArgArg 240
CGGT 787
260

```
CC   This full-length cDNA clone codes for a human telomerase protein 2 (TP2,
CC   see AAW61350), a novel protein of the telomerase complex. The sequence
CC   was deduced from overlapping partial clones #32 (see AAV27872) and TP2-15
CC   (see AAV27875), which were obtained from a human colon tumour cell line
CC   LIM1863 cDNA. Expressing TP2 genes in a cell is used to increase
CC   telomerase activity and thus proliferation for treatment of e.g. HIV
CC   infection, AIDS and ageing disorders, while expressing an inactive mutant
CC   of TP2 (or molecule antisense to the gene) is used to decrease telomerase
CC   activity, e.g. for treatment of cancer. TR2 polypeptides can also be used
CC   to screen for agents that inhibit TP2 activity or its binding to TRIP1
CC   (see AAW61347) or telomerase RNA, potentially useful therapeutically,
CC   also to raise specific antibodies useful in immunoassays and
CC   therapeutically as inhibitors. Nucleic acid fragments are used as
CC   diagnostic probes for detecting/quantifying TP2 DNA. Also contemplated
CC   are transgenic animals in which the TP2 gene has been inactivated or is
CC   overexpressed. TP2 polypeptides are administered i.v., s.c. or orally, or
CC   they are delivered from engineered cells or gene therapy vectors.
CC   (Updated on 25-MAR-2003 to correct PR field.)
XX
SQ   Sequence 3798 BP; 613 A; 1311 C; 1212 G; 662 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.63e-218     Length:          3798
Score:                  5961.00       Matches:         1132
Percent Similarity:     100.00%       Conservative:    0
Best Local Similarity:  100.00%       Mismatches:      0
Query Match:            100.00%       Indels:          0
DB:                     2             Gaps:            0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AAV27876 (1-3798)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         68 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 127

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        128 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 187

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        188 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 247

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        248 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 307

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        308 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 367

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        368 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 427

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        428 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 487

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        488 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 547

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        548 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 607

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        608 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 667

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        668 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCC

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArg
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        728 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCA

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        788 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 847

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        848 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 907

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        908 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 967

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        968 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1027

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1028 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1087

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1088 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1147

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1148 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1207

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1208 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGCAACCAC 1267

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1268 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1327

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1328 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1387

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1388 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1447

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1448 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1507

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1508 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1567

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1568 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1627

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1628 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1687

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1688 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1747

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1748 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1807
```

```
Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1808 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1867

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1868 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1927

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1928 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1987

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1988 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2047

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2048 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2107

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2108 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2167

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2168 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2227

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2228 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2287

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2288 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2347

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2348 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2407

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2408 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2467

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2468 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2527

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2528 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2587

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2588 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2647

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2648 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2707

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2708 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2767

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2768 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2827

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2828 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2887

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2888 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2947

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2948 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 3007

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3008 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3067

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3068 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3127

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3128 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3187

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3188 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3247

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3248 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3307

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3308 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3367

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3368 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3427

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3428 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3463

RESULT 11
AAV22379
ID   AAV22379 standard; cDNA; 3955 BP.
XX
AC   AAV22379;
XX
DT   13-AUG-1998  (first entry)
XX
DE   Human telomerase reverse transcriptase encoding cDNA.
XX
KW   Human; telomerase reverse transcriptase; hTRT; TRT; diagnosis; prognosis;
KW   cell proliferation; cancer; ageing; ribonucleoprotein; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             56. .3454
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "telomerase reverse transcriptase"
XX
PN   GB2317891-A.
XX
PD   08-APR-1998.
XX
PF   01-OCT-1997;    97GB-00020890.
XX
PR   01-OCT-1996;    96US-00724643.
PR   18-APR-1997;    97US-00844419.
PR   25-APR-1997;    97US-00846017.
PR   06-MAY-1997;    97US-00851843.
PR   09-MAY-1997;    97US-00854050.
PR   14-AUG-1997;    97US-00911312.
PR   14-AUG-1997;    97US-00912951.
```

```
PR   14-AUG-1997;   97US-00915503.
XX
PA   (GERO-) GERON CORP.
PA   (UYTE-) UNIV TECHNOLOGY CORP.
XX
PI   Cech TR,  Lingner J,  Nakamura T,  Chapman KB,  Morin GB,  Harley CB;
PI   Andrews WH;
XX
DR   WPI; 1998-171633/16.
DR   P-PSDB; AAW46957.
XX
PT   Pure and recombinant human Telomerase Reverse Transcriptase and its
PT   variants - are useful in the diagnosis, prognosis and treatment of cell
PT   proliferation conditions especially cancer and ageing.
XX
PS   Claim 5; Fig 16; 387pp; English.
XX
CC   The present sequence encodes human telomerase reverse transcriptase
CC   (hTRT), which is a ribonucleoprotein. The present invention also
CC   describes the following methods: (A) determining whether a test compound
CC   is a modulator of hTRT, by detecting the change in hTRT recombinant
CC   protein or polynucleotide, on administration of the compound; (B)
CC   preparation of recombinant telomerase by contacting a protein preparation
CC   of hTRT with a telomerase RNA component; (C) detection of the hTRT RNA or
CC   protein in a sample by binding a relevant probe to the sample and
CC   detecting the complex formed or in the case of RNA detection, amplifying
CC   the product and correlating the presence of complex or amplification
CC   product with presence of hTRT in the sample; and (D) increasing the
CC   proliferation of a vertebrate cell by increasing hTRT expression; and (E)
CC   the use of an agent that causes an increase in cell vertebrate cell
CC   proliferation to create a medicament that inhibits ageing. A protein
CC   preparation of hTRT and the polynucleotide encoding hTRT can be used in
CC   the manufacture of medicaments for inhibiting the effect of ageing or
CC   cancer. Inhibitors of telomerase activity can be used to treat conditions
CC   that are associated with high telomerase activity. A protein preparation
CC   of hTRT can also be used in the new methods
XX
SQ   Sequence 3955 BP; 648 A; 1353 C; 1251 G; 703 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.73e-218     Length:         3955
Score:                  5961.00       Matches:        1132
Percent Similarity:     100.00%       Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%       Mismatches:     0
Query Match:            100.00%       Indels:         0
DB:                     2             Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AAV22379 (1-3955)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1015

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451

RESULT 12
AAZ00724
ID   AAZ00724 standard; DNA; 4015 BP.
XX
AC   AAZ00724;
XX
DT   06-OCT-1999  (first entry)
XX
DE   Human telomerase catalytic domain DNA.
XX
KW   Telomerase; catalytic domain; human; quantitation; tumour cell; melanoma;
KW   body fluid; metastases; T-cell lymphoblastoma; chronic myeloid leukemia;
KW   acute lymphatic leukemia; melanoma; pulmonary carcinoma; colon cancer;
KW   breast cancer; ss.
XX
```

```
OS   Homo sapiens.
XX
PN   DE19804372-A1.
XX
PD   05-AUG-1999.
XX
PF   04-FEB-1998;   98DE-01004372.
XX
PR   04-FEB-1998;   98DE-01004372.
XX
PA   (DAHM/) DAHM M W.
XX
PI   Dahm MW;
XX
DR   WPI; 1999-431408/37.
XX
PT   Quantifying tumor cells by amplifying mRNA encoding the catalytic subunit
PT   of telomerase.
XX
PS   Example; Fig 1A-B; 26pp; German.
XX
CC   This invention describes a novel method for the quantitation of tumour
CC   cells in a body fluid which comprises (1) enrichment or isolation of
CC   tumour cells in the sample, (2) amplification of mRNA from these cells
CC   that encodes the catalytic subunit of telomerase and (3) quantifying the
CC   amount of amplified mRNA. The method is applied to tumour cells derived
CC   from (micro)metastases, e.g. associated with a wide range of tumours such
CC   as T-cell lymphoblastoma, chronic myeloid or acute lymphatic leukemia,
CC   melanoma, pulmonary carcinoma, cancer of colon or breast etc. This
CC   sequence encodes a human telomerase protein catalytic domain
XX
SQ   Sequence 4015 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.76e-218     Length:        4015
Score:                  5961.00       Matches:       1132
Percent Similarity:     100.00%       Conservative:  0
Best Local Similarity:  100.00%       Mismatches:    0
Query Match:            100.00%       Indels:        0
DB:                     2             Gaps:          0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AAZ00724 (1-4015)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1015

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615
```

```
Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451
```

```
RESULT 13
AAZ20279
ID   AAZ20279 standard; cDNA; 4015 BP.
XX
AC   AAZ20279;
XX
DT   17-JAN-2000  (first entry)
XX
DE   Human telomerase reverse transcriptase (hTRT) cDNA.
XX
KW   Telomerase reverse transcriptase; human; hTRT; cell proliferation;
KW   cancer; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             56. .3454
FT                   /*tag=  a
XX
PN   WO9950386-A2.
XX
```

```
PD   07-OCT-1999.
XX
PF   31-MAR-1999;   99WO-US007097.
XX
PR   31-MAR-1998;   98US-00052864.
PR   03-AUG-1998;   98US-00128354.
XX
PA   (GERO-) GERON CORP.
XX
PI   Morin GB;
XX
DR   WPI; 1999-610842/52.
DR   P-PSDB; AAY32090.
XX
PT   New catalytic polypeptide and polynucleotide, useful for increasing
PT   catalytic activity in a cell.
XX
PS   Disclosure; Fig 2; 24pp; English.
XX
CC   This is the nucleotide sequence of cDNA encoding human telomerase reverse
CC   transcriptase (hTRT, see AAY32090).·Human telomerase is a target for
CC   diagnosing and treating diseases relating to cell proliferation and
CC   senescence, such as cancer, or for increasing the proliferative capacity
CC   of a cell. A claimed method for increasing the proliferative capacity of
CC   a vertebrate cell, especially a human or other mammalian cell, involves
CC   introducing into the cell a recombinant hTRT polynucleotide encoding an
CC   hTRT variant in which residues 192-323, 200-323, 192-271, 200-271, 222-
CC   240, 415-450, 192-323 and 415-450, or 192-271 and 415-450 are deleted. A
CC   claimed method for reducing telomerase activity in a cell involves
CC   introducing a recombinant polynucleotide encoding an hTRT variant having
CC   a deletion of amino acids 192-450, 560-565, 637-660, 638-660, 748-764 or
CC   1055-1071. The polynucleotides are obtained by mutagenesis of the hTRT
CC   coding sequence
XX
SQ   Sequence 4015 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.76e-218     Length:         4015
Score:                  5961.00       Matches:        1132
Percent Similarity:     100.00%       Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%       Mismatches:     0
Query Match:            100.00%       Indels:         0
DB:                     2             Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AAZ20279 (1-4015)

Qy         1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy        21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy        41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy        61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy        81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy       101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy       121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy       141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535

Qy       161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy       181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655

Qy       201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy       221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775

Qy       241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835

Qy       261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895

Qy       281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955

Qy       301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1015

Qy       321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075

Qy       341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy       361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy       381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy       401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy       421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy       441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy       461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495

Qy       481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555
```

```
Qy     501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615

Qy     521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy     541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy     561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy     581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy     601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy     621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy     641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy     661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy     681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

Qy     701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215

Qy     721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

Qy     741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

Qy     761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

Qy     781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455

Qy     801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515

Qy     821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575

Qy     841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635

Qy     861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695

Qy     881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy     901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815

Qy     921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy     941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy     961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy     981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy    1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy    1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy    1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy    1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy    1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy    1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy    1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451
```

```
RESULT 14
AAZ30154
ID   AAZ30154 standard; cDNA; 4015 BP.
XX
AC   AAZ30154;
XX
DT   26-JAN-2000  (first entry)
XX
DE   cDNA encoding a human telomerase reverse transcriptase (TRT).
XX
KW   Human; telomerase reverse transcriptase; TRT; T lymphocyte activation;
KW   dendritic cell; telomerase activity; cancer cell; proliferating cell;
KW   immunological destruction; telomerase; cancer; proliferation disease; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             56. .3454
```

```
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "telomerase reverse transcriptase"
XX
PN   WO9950392-A1.
XX
PD   07-OCT-1999.
XX
PF   30-MAR-1999;   99WO-US006898.
XX
PR   31-MAR-1998;   98US-0112006P.
XX
PA   (GERO-) GERON CORP.
XX
PI   Gaeta FCA;
XX
DR   WPI; 1999-610845/52.
DR   P-PSDB; AAY43621.
XX
PT   Eliciting an in vivo immune response for prevention and treatment of
PT   cancers.
XX
PS   Disclosure; Fig 2; 26pp; English.
XX
CC   The present sequence encodes a human telomerase reverse transcriptase
CC   (TRT) polypeptide. The protein is used in the method of the invention.
CC   The specification describes a method for activating a T lymphocyte,
CC   comprising contacting the T lymphocyte with a dendritic cell that
CC   expresses a TRT peptide in the context of a MHC class I or MHC class II
CC   molecule. The protein causes induction of an in vivo immunological
CC   response to telomerase activity. Cancer cells are characterized by
CC   expression of endogenous TRT gene and the presence of detectable
CC   telomerase activity. Therefore, by eliciting a specific immune response
CC   to TRT or to TRT-expressing cells, it is possible to selectively target
CC   proliferating cells for immunological destruction. The method is used for
CC   eliciting an in vivo immune response to telomerase by activating a T
CC   lymphocyte, and is useful for prevention and treatment of cancers and
CC   other proliferation diseases/conditions
XX
SQ   Sequence 4015 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:               2.76e-218      Length:         4015
Score:                   5961.00        Matches:        1132
Percent Similarity:      100.00%        Conservative:   0
Best Local Similarity:   100.00%        Mismatches:     0
Query Match:             100.00%        Indels:         0
DB:                      2              Gaps:           0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AAZ30154 (1-4015)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535

Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1015

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495
```

```
Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy        901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815

Qy        921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy        941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy        961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy        981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy       1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy       1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy       1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy       1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy       1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy       1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy       1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451
```

```
RESULT 15
AAH45901
ID   AAH45901 standard; DNA; 4015 BP.
XX
AC   AAH45901;
XX
DT   06-SEP-2001  (first entry)
XX
DE   Human hTERT gene.
XX
KW   Human; hTERT; telomerase; catalytic subunit; mRNA quantitation;
KW   detection; beta-region; diagnosis; cancer; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
```

```
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   exon            1. .274
FT                   /*tag=  a
FT                   /number= 1
FT   exon            275. .1628
FT                   /*tag=  b
FT                   /number= 2
FT   exon            1629. .1824
FT                   /*tag=  c
FT                   /number= 3
FT   exon            1825. .2005
FT                   /*tag=  d
FT                   /number= 4
FT   exon            2006. .2185
FT                   /*tag=  e
FT                   /number= 5
FT   exon            2186. .2341
FT                   /*tag=  f
FT                   /number= 6
FT   primer_bind     complement(2309. .2325)
FT                   /*tag=  g
FT                   /note= "primer SYC1076 (AAH45902) binding site"
FT   primer_bind     complement(2311. .2325)
FT                   /*tag=  h
FT                   /note= "primer SYC1118 (AAH45905) binding site"
FT   exon            2342. .2437
FT                   /*tag=  i
FT                   /number= 7
FT   misc_binding    complement(2345. .2374)
FT                   /*tag=  j
FT                   /bound_moiety= "hybridisation probe CS3"
FT                   /note= "AAH45908"
FT   misc_binding    complement(2427. .2456)
FT                   /*tag=  k
FT                   /bound_moiety= "hybridisation probe CS12"
FT                   /note= "AAH45906"
FT   exon            2438. .2523
FT                   /*tag=  l
FT                   /number= 8
FT   misc_binding    complement(2458. .2487)
FT                   /*tag=  m
FT                   /bound_moiety= "hybridisation probe CS1"
FT                   /note= "AAH45907"
FT   primer_bind     2489. .2506
FT                   /*tag=  n
FT                   /note= "primer SYC1097 (AAH45904) binding site"
FT   exon            2524. .2637
FT                   /*tag=  o
FT                   /number= 9
FT   primer_bind     2615. .2631
FT                   /*tag=  p
FT                   /note= "primer SYC1078 (AAH45903) binding site"
FT   exon            2638. .2709
FT                   /*tag=  q
FT                   /number= 10
FT   exon            2710. .2898
FT                   /*tag=  r
FT                   /number= 11
FT   exon            2899. .3025
FT                   /*tag=  s
FT                   /number= 12
FT   exon            3026. .3087
FT                   /*tag=  t
FT                   /number= 13
FT   exon            3088. .3212
FT                   /*tag=  u
FT                   /number= 14
FT   exon            3213. .3350
FT                   /*tag=  v
FT                   /number= 15
FT   exon            3351. .4015
FT                   /*tag=  w
FT                   /number= 16
XX
PN   EP1108789-A2.
XX
PD   20-JUN-2001.
XX
PF   15-DEC-2000; 2000EP-00127228.
XX
PR   16-DEC-1999;   99US-00465491.
XX
PA   (HOFF ) HOFFMANN LA ROCHE & CO AG F.
XX
PI   Chang SP,  Santini CD;
XX
DR   WPI; 2001-376930/40.
XX
PT   Quantitating expression of mRNA encoding hTERT, the catalytic subunit of
PT   telomerase, as an indicator of cancer, by amplifying RNA using primers
PT   complementary to hTERT gene sequence and quantitating amplified products.
XX
PS   Claim 1; Page 5-7; 29pp; English.
XX
CC   The present sequence is that of the hTERT gene encoding the catalytic
CC   subunit of the human telomerase, comprising 16 exons, which is useful in
CC   a method for quantitating hTERT mRNA. The method is useful for detecting
CC   the presence of beta-region (a 182 nucleotide region consisting of exons
CC   7 and 8) of the hTERT-mRNA in a human sample for diagnosis and prognosis
CC   of cancer. The method provides an accurate measure of telomerase activity
CC   by selectively measuring mRNA that encodes an active hTERT protein
XX
SQ   Sequence 4015 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.76e-218      Length:          4015
Score:                  5961.00        Matches:         1132
Percent Similarity:     100.00%        Conservative:    0
Best Local Similarity:  100.00%        Mismatches:      0
Query Match:            100.00%        Indels:          0
DB:                     4              Gaps:            0

US-10-044-692-2 (1-1132) x AAH45901 (1-4015)

Qy          1 MetProArgAlaProArgCysArgAlaValArgSerLeuLeuArgSerHisTyrArgGlu 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         56 ATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAG 115

Qy         21 ValLeuProLeuAlaThrPheValArgArgLeuGlyProGlnGlyTrpArgLeuValGln 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        116 GTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAG 175

Qy         41 ArgGlyAspProAlaAlaPheArgAlaLeuValAlaGlnCysLeuValCysValProTrp 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        176 CGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGG 235

Qy         61 AspAlaArgProProProAlaAlaProSerPheArgGlnValSerCysLeuLysGluLeu 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        236 GACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTG 295

Qy         81 ValAlaArgValLeuGlnArgLeuCysGluArgGlyAlaLysAsnValLeuAlaPheGly 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        296 GTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGC 355

Qy        101 PheAlaLeuLeuAspGlyAlaArgGlyGlyProProGluAlaPheThrThrSerValArg 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        356 TTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGC 415

Qy        121 SerTyrLeuProAsnThrValThrAspAlaLeuArgGlySerGlyAlaTrpGlyLeuLeu 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        416 AGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTG 475

Qy        141 LeuArgArgValGlyAspAspValLeuValHisLeuLeuAlaArgCysAlaLeuPheVal 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        476 CTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTG 535
```

```
Qy        161 LeuValAlaProSerCysAlaTyrGlnValCysGlyProProLeuTyrGlnLeuGlyAla 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        536 CTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCT 595

Qy        181 AlaThrGlnAlaArgProProProHisAlaSerGlyProArgArgArgLeuGlyCysGlu 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        596 GCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAA 655

Qy        201 ArgAlaTrpAsnHisSerValArgGluAlaGlyValProLeuGlyLeuProAlaProGly 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        656 CGGGCCTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGT 715

Qy        221 AlaArgArgArgGlyGlySerAlaSerArgSerLeuProLeuProLysArgProArgArg 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        716 GCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGT 775

Qy        241 GlyAlaAlaProGluProGluArgThrProValGlyGlnGlySerTrpAlaHisProGly 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        776 GGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGC 835

Qy        261 ArgThrArgGlyProSerAspArgGlyPheCysValValSerProAlaArgProAlaGlu 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        836 AGGACGCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAA 895

Qy        281 GluAlaThrSerLeuGluGlyAlaLeuSerGlyThrArgHisSerHisProSerValGly 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        896 GAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGC 955

Qy        301 ArgGlnHisHisAlaGlyProProSerThrSerArgProProArgProTrpAspThrPro 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        956 CGCCAGCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCT 1015

Qy        321 CysProProValTyrAlaGluThrLysHisPheLeuTyrSerSerGlyAspLysGluGln 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1016 TGTCCCCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAG 1075

Qy        341 LeuArgProSerPheLeuLeuSerSerLeuArgProSerLeuThrGlyAlaArgArgLeu 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1076 CTGCGGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTC 1135

Qy        361 ValGluThrIlePheLeuGlySerArgProTrpMetProGlyThrProArgArgLeuPro 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1136 GTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCC 1195

Qy        381 ArgLeuProGlnArgTyrTrpGlnMetArgProLeuPheLeuGluLeuLeuGlyAsnHis 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1196 CGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCAC 1255

Qy        401 AlaGlnCysProTyrGlyValLeuLeuLysThrHisCysProLeuArgAlaAlaValThr 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1256 GCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACC 1315

Qy        421 ProAlaAlaGlyValCysAlaArgGluLysProGlnGlySerValAlaAlaProGluGlu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1316 CCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAG 1375

Qy        441 GluAspThrAspProArgArgLeuValGlnLeuLeuArgGlnHisSerSerProTrpGln 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1376 GAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAG 1435

Qy        461 ValTyrGlyPheValArgAlaCysLeuArgArgLeuValProProGlyLeuTrpGlySer 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1436 GTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCC 1495

Qy        481 ArgHisAsnGluArgArgPheLeuArgAsnThrLysLysPheIleSerLeuGlyLysHis 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1496 AGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCAT 1555

Qy        501 AlaLysLeuSerLeuGlnGluLeuThrTrpLysMetSerValArgAspCysAlaTrpLeu 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1556 GCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTG 1615

Qy        521 ArgArgSerProGlyValGlyCysValProAlaAlaGluHisArgLeuArgGluGluIle 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1616 CGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATC 1675

Qy        541 LeuAlaLysPheLeuHisTrpLeuMetSerValTyrValValGluLeuLeuArgSerPhe 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1676 CTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTC 1735

Qy        561 PheTyrValThrGluThrThrPheGlnLysAsnArgLeuPhePheTyrArgLysSerVal 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1736 TTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTC 1795

Qy        581 TrpSerLysLeuGlnSerIleGlyIleArgGlnHisLeuLysArgValGlnLeuArgGlu 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1796 TGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAG 1855

Qy        601 LeuSerGluAlaGluValArgGlnHisArgGluAlaArgProAlaLeuLeuThrSerArg 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1856 CTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGA 1915

Qy        621 LeuArgPheIleProLysProAspGlyLeuArgProIleValAsnMetAspTyrValVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1916 CTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTG 1975

Qy        641 GlyAlaArgThrPheArgArgGluLysArgAlaGluArgLeuThrSerArgValLysAla 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1976 GGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCA 2035

Qy        661 LeuPheSerValLeuAsnTyrGluArgAlaArgArgProGlyLeuLeuGlyAlaSerVal 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2036 CTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTG 2095

Qy        681 LeuGlyLeuAspAspIleHisArgAlaTrpArgThrPheValLeuArgValArgAlaGln 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2096 CTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAG 2155

Qy        701 AspProProProGluLeuTyrPheValLysValAspValThrGlyAlaTyrAspThrIle 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2156 GACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATC 2215

Qy        721 ProGlnAspArgLeuThrGluValIleAlaSerIleIleLysProGlnAsnThrTyrCys 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2216 CCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGC 2275

Qy        741 ValArgArgTyrAlaValValGlnLysAlaAlaHisGlyHisValArgLysAlaPheLys 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2276 GTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAG 2335

Qy        761 SerHisValSerThrLeuThrAspLeuGlnProTyrMetArgGlnPheValAlaHisLeu 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2336 AGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTG 2395

Qy        781 GlnGluThrSerProLeuArgAspAlaValValIleGluGlnSerSerSerLeuAsnGlu 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2396 CAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAG 2455

Qy        801 AlaSerSerGlyLeuPheAspValPheLeuArgPheMetCysHisHisAlaValArgIle 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2456 GCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATC 2515

Qy        821 ArgGlyLysSerTyrValGlnCysGlnGlyIleProGlnGlySerIleLeuSerThrLeu 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2516 AGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTG 2575

Qy        841 LeuCysSerLeuCysTyrGlyAspMetGluAsnLysLeuPheAlaGlyIleArgArgAsp 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2576 CTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC 2635

Qy        861 GlyLeuLeuLeuArgLeuValAspAspPheLeuLeuValThrProHisLeuThrHisAla 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2636 GGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCG 2695

Qy        881 LysThrPheLeuArgThrLeuValArgGlyValProGluTyrGlyCysValValAsnLeu 900
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2696 AAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTG 2755

Qy         901 ArgLysThrValValAsnPheProValGluAspGluAlaLeuGlyGlyThrAlaPheVal 920
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2756 CGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTT 2815

Qy         921 GlnMetProAlaHisGlyLeuPheProTrpCysGlyLeuLeuLeuAspThrArgThrLeu 940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2816 CAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTG 2875

Qy         941 GluValGlnSerAspTyrSerSerTyrAlaArgThrSerIleArgAlaSerLeuThrPhe 960
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2876 GAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTC 2935

Qy         961 AsnArgGlyPheLysAlaGlyArgAsnMetArgArgLysLeuPheGlyValLeuArgLeu 980
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2936 AACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTG 2995

Qy         981 LysCysHisSerLeuPheLeuAspLeuGlnValAsnSerLeuGlnThrValCysThrAsn 1000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2996 AAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAAC 3055

Qy        1001 IleTyrLysIleLeuLeuLeuGlnAlaTyrArgPheHisAlaCysValLeuGlnLeuPro 1020
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3056 ATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCA 3115

Qy        1021 PheHisGlnGlnValTrpLysAsnProThrPhePheLeuArgValIleSerAspThrAla 1040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3116 TTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCC 3175

Qy        1041 SerLeuCysTyrSerIleLeuLysAlaLysAsnAlaGlyMetSerLeuGlyAlaLysGly 1060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3176 TCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGC 3235

Qy        1061 AlaAlaGlyProLeuProSerGluAlaValGlnTrpLeuCysHisGlnAlaPheLeuLeu 1080
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295

Qy        1081 LysLeuThrArgHisArgValThrTyrValProLeuLeuGlySerLeuArgThrAlaGln 1100
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355

Qy        1101 ThrGlnLeuSerArgLysLeuProGlyThrThrLeuThrAlaLeuGluAlaAlaAlaAsn 1120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415

Qy        1121 ProAlaLeuProSerAspPheLysThrIleLeuAsp 1132
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGAC 3451
```

Search completed: October 28, 2004, 13:10:02
Job time : 1416 secs

GenCore version 5.1.6

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: October 28, 2004, 10:29:52 ; Search time 11545 Seconds
(without alignments)
12672.631 Million cell updates/sec

Title: US-10-044-692-1
Perfect score: 4015
Sequence: 1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGC..........TTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 32822875 seqs, 18219865908 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 65645750

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database : EST:*
1: gb_est1:*
2: gb_est2:*
3: gb_htc:*
4: gb_est3:*
5: gb_est4:*
6: gb_est5:*
7: gb_est6:*
8: gb_gss1:*
9: gb_gss2:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

	Result No.	Score	% Query Match	Length	DB	ID	Description
	1	1584	39.5	1826	9	AY407349	AY407349 Homo sapi
	2	1308.6	32.6	1584	9	AY407350	AY407350 Pan trogl
	3	911.4	22.7	1835	9	AY407351	AY407351 Mus muscu
	4	806	20.1	925	4	BM453198	BM453198 AGENCOURT
	5	500.2	12.5	851	5	BU702370	BU702370 UI-M-FI0-
c	6	465.4	11.6	468	2	AW270031	AW270031 xv57e03.x
	7	445	11.1	492	4	BM824748	BM824748 K-EST0096
	8	419	10.4	851	4	BG917907	BG917907 602820830
c	9	416	10.4	416	2	AW276315	AW276315 xr10b12.x
	10	385.8	9.6	389	1	AA281296	AA281296 zt08g02.r
	11	381.4	9.5	409	7	CN274427	CN274427 170005313
	12	346.2	8.6	688	7	CF531121	CF531121 UI-M-FY0-
	13	340.4	8.5	649	7	CF531069	CF531069 UI-M-FY0-
	14	322	8.0	599	2	BB618671	BB618671 BB618671
	15	317.8	7.9	664	5	BQ258274	BQ258274 NISC_kp11
c	16	305.4	7.6	340	1	AA811084	AA811084 oa85c05.s
	17	290.8	7.2	614	2	BB651920	BB651920 BB651920
c	18	284.4	7.1	315	1	AA748707	AA748707 ny02e05.s
	19	267	6.7	866	2	BE371943	BE371943 601217728
	20	252.2	6.3	715	2	BE396925	BE396925 601290610
	21	249.6	6.2	409	1	AA311750	AA311750 EST182469
	22	248.8	6.2	679	2	BE396606	BE396606 601289077
	23	243.2	6.1	649	2	BE514070	BE514070 601316575
	24	243	6.1	610	2	BE514188	BE514188 601316376
	25	214	5.3	344	7	CF531258	CF531258 UI-M-FY0-
	26	208.6	5.2	779	2	BE268183	BE268183 601125261
	27	203.8	5.1	336	6	BY775178	BY775178 BY775178
	28	203.2	5.1	343	6	BY783093	BY783093 BY783093
	29	200.6	5.0	338	6	BY784804	BY784804 BY784804
	30	192.2	4.8	326	5	BY149368	BY149368 BY149368
	31	189.2	4.7	753	5	BU452535	BU452535 603767927
	32	186.8	4.7	1424	3	CR688161	CR688161 Tetraodon
c	33	182.6	4.5	347	2	AW244516	AW244516 BR_END06B
	34	180.2	4.5	880	5	BU377259	BU377259 603811228
	35	167.6	4.2	775	4	BI388013	BI388013 BFL26_002
	36	162.4	4.0	703	5	BX886589	BX886589 BX886589
	37	155.4	3.9	619	7	CK392784	CK392784 K0850A03-
	38	154.8	3.9	696	5	BU139751	BU139751 603134527
	39	150.4	3.7	668	6	CA380121	CA380121 659344 NC
c	40	140	3.5	148	1	AI824948	AI824948 wb04c01.x
	41	132	3.3	641	8	AZ972318	AZ972318 2M0246F07
	42	128.8	3.2	875	5	BU122597	BU122597 603148441
	43	128	3.2	846	7	CN505902	CN505902 AGENCOURT
c	44	123.8	3.1	813	4	BG198331	BG198331 RST17589
	45	116.8	2.9	632	6	CA353864	CA353864 625469 NC

ALIGNMENTS

RESULT 1
AY407349
LOCUS AY407349 1826 bp DNA linear GSS 15-DEC-2003
DEFINITION Homo sapiens TERT gene, VIRTUAL TRANSCRIPT, partial sequence, genomic survey sequence.
ACCESSION AY407349
VERSION AY407349.1 GI:39763320
KEYWORDS GSS.
SOURCE Homo sapiens (human)
ORGANISM Homo sapiens
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE 1 (bases 1 to 1826)
AUTHORS Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A., Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B., Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J., Adams,M.D. and Cargill,M.
TITLE Inferring nonneutral evolution from human-chimp-mouse orthologous gene trios
JOURNAL Science 302 (5652), 1960-1963 (2003)
PUBMED 14671302
REFERENCE 2 (bases 1 to 1826)
AUTHORS Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A., Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B., Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J., Adams,M.D. and Cargill,M.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (16-NOV-2003) Celera Genomics, 45 West Gude Drive, Rockville, MD 20850, USA
COMMENT This sequence was made by sequencing genomic exons and ordering them based on alignment.
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..1826
/organism="Homo sapiens"
/mol_type="genomic DNA"
/db_xref="taxon:9606"
gene <1..>1826
/gene="TERT"
/locus_tag="HCM2861"
ORIGIN

Query Match 39.5%; Score 1584; DB 9; Length 1826;
Best Local Similarity 86.7%; Pred. No. 0;
Matches 1584; Conservative 0; Mismatches 242; Indels 0; Gaps 0;

```
Qy       1629 GGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCC 1688
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db          1 GGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCC 60

Qy       1689 TGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGG 1748
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 TGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGG 120

Qy       1749 AGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGC 1808
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 AGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGC 180

Qy       1809 AAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGCAG 1868
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 AAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGCAG 240

Qy       1869 AGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCGCTTCATCC 1928
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 AGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCGCTTCATCC 300

Qy       1929 CCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGCCAGAACGT 1988
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGCCAGAACGT 360

Qy       1989 TCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTTCAGCGTGC 2048
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 TCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTTCAGCGTGC 420

Qy       2049 TCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGGCCTGGACG 2108
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 TCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGGCCTGGACG 480

Qy       2109 ATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCCGCCGCCTG 2168
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 ATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCCGCCGCCTG 540

Qy       2169 AGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCAGGACAGGC 2228
              |||||||||||||||||
Db        541 AGCTGTACTTTGTCAAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 600

Qy       2229 TCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCGTCGGTATG 2288

Db        601 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 660

Qy       2289 CCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCACGTCTCTA 2348
                                                                   |||||||
Db        661 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTCTCTA 720

Qy       2349 CCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGAGACCAGCC 2408
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 CCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGAGACCAGCC 780

Qy       2409 CGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAGCAGTGGCC 2468
              |||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 CGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 840

Qy       2469 TCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGGCAAGTCCT 2528
                                                                     |||||
Db        841 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTCCT 900

Qy       2529 ACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTGCAGCCTGT 2588
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 ACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTGCAGCCTGT 960

Qy       2589 GCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTGCTCCTGC 2648
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTGCTCCTGC 1020

Qy       2649 GTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAACCTTCCTCA 2708
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 GTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAACCTTCCTCA 1080

Qy       2709 GGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAGTGG 2768
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAGTGG 1140

Qy       2769 TGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGCCGGCCC 2828
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 TGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGCCGGCCC 1200

Qy       2829 ACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGCG 2888
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 ACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGCG 1260

Qy       2889 ACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTCA 2948
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 ACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTCA 1320

Qy       2949 AGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGCC 3008
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGCC 1380

Qy       3009 TGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATCC 3068
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 TGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATCC 1440

Qy       3069 TCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAAG 3128
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 TCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAAG 1500

Qy       3129 TTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTACT 3188
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 TTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTACT 1560

Qy       3189 CCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGCCGGCCCTC 3248
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGCCGGCCCTC 1620

Qy       3249 TGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCTGACTCGAC 3308
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 TGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCTGACTCGAC 1680

Qy       3309 ACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCAGCTGAGTC 3368
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 ACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCAGCTGAGTC 1740

Qy       3369 GGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGCACTGCCCT 3428
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 GGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGCACTGCCCT 1800

Qy       3429 CAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGA 3454
              ||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGA 1826
```

```
RESULT 2
AY407350
LOCUS       AY407350                1584 bp    DNA     linear   GSS 15-DEC-2003
DEFINITION  Pan troglodytes TERT gene, VIRTUAL TRANSCRIPT, partial sequence,
            genomic survey sequence.
ACCESSION   AY407350
VERSION     AY407350.1  GI:39763321
KEYWORDS    GSS.
SOURCE      Pan troglodytes (chimpanzee)
  ORGANISM  Pan troglodytes
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Pan.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1584)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Inferring nonneutral evolution from human-chimp-mouse orthologous
            gene trios
  JOURNAL   Science 302 (5652), 1960-1963 (2003)
   PUBMED   14671302
REFERENCE   2  (bases 1 to 1584)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
```

```
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (16-NOV-2003) Celera Genomics, 45 West Gude Drive,
            Rockville, MD 20850, USA
COMMENT     This sequence was made by sequencing genomic exons and ordering
            them based on alignment.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..1584
                     /organism="Pan troglodytes"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:9598"
     gene            <1..>1584
                     /gene="TERT"
                     /locus_tag="HCM2861"
ORIGIN

  Query Match             32.6%;  Score 1308.6;  DB 9;  Length 1584;
  Best Local Similarity   83.1%;  Pred. No. 2e-262;
  Matches 1317;  Conservative    0;  Mismatches  267;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1629 GGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCC 1688
Db          1 GGGTTGGCTCTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCT 60

Qy       1689 TGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGG 1748
Db         61 TGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTTGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGG 120

Qy       1749 AGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGC 1808
Db        121 AGACCACGTTTCAGAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGC 180

Qy       1809 AAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGCAG 1868
Db        181 AAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGCAG 240

Qy       1869 AGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCGCTTCATCC 1928
Db        241 AGGTCAGGCAGCATCAGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCGCTTCATCC 300

Qy       1929 CCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGCCAGAACGT 1988
Db        301 CCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGCCAGAACGT 360

Qy       1989 TCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTTCAGCGTGC 2048
Db        361 TCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTTCAGCGTGC 420

Qy       2049 TCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGGCCTGGACG 2108
Db        421 TCANNNACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGGCCTGGACG 480

Qy       2109 ATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCCGCCGCCTG 2168
Db        481 ATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCCGCCGCCTG 540

Qy       2169 AGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCAGGACAGGC 2228
Db        541 AGCTGTACTTTGTCAAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 600

Qy       2229 TCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCGTCGGTATG 2288
Db        601 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 660

Qy       2289 CCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCACGTCTCTA 2348
Db        661 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTCTCTA 720

Qy       2349 CCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGAGACCAGCC 2408
Db        721 CCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGAGACCAGCC 780

Qy       2409 CGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAGCAGTGGCC 2468
Db        781 CACTGAGGGATGCCGTCATCATCGAGCAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 840

Qy       2469 TCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGGCAAGTCCT 2528
Db        841 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTCCT 900

Qy       2529 ACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTGCAGCCTGT 2588
Db        901 ACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTGTCCACGCTGCTCTGCAGCCTGT 960

Qy       2589 GCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTGCTCCTGC 2648
Db        961 GCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTGCTCCTGC 1020

Qy       2649 GTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAACCTTCCTCA 2708
Db       1021 GTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAGCCTTCCTCA 1080

Qy       2709 GGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAGTGG 2768
Db       1081 NGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAGTAG 1140

Qy       2769 TGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGCCGGCCC 2828
Db       1141 TGAACTTCCCTGTAGAAGATGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTGTTCAGCTGCCGGCCC 1200

Qy       2829 ACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGCG 2888
Db       1201 ACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGACACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGCG 1260

Qy       2889 ACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTCA 2948
Db       1261 ACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCNNNNCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTCA 1320

Qy       2949 AGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGCC 3008
Db       1321 AGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGCC 1380

Qy       3009 TGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATCC 3068
Db       1381 TGTTTCTGGATTTGCAGNTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAANNTCC 1440

Qy       3069 TCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAAG 3128
Db       1441 TCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAAG 1500

Qy       3129 TTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTACT 3188
Db       1501 TTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCATCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTACT 1560

Qy       3189 CCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAG 3212
Db       1561 CCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAG 1584


RESULT 3
AY407351
LOCUS       AY407351                1835 bp    DNA     linear   GSS 15-DEC-2003
DEFINITION  Mus musculus TERT gene, VIRTUAL TRANSCRIPT, partial sequence,
            genomic survey sequence.
ACCESSION   AY407351
VERSION     AY407351.1  GI:39763322
KEYWORDS    GSS.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1835)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
```

```
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Inferring nonneutral evolution from human-chimp-mouse orthologous
            gene trios
  JOURNAL   Science 302 (5652), 1960-1963 (2003)
   PUBMED   14671302
REFERENCE   2  (bases 1 to 1835)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (16-NOV-2003) Celera Genomics, 45 West Gude Drive,
            Rockville, MD 20850, USA
COMMENT     This sequence was made by sequencing genomic exons and ordering
            them based on alignment.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..1835
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:10090"
     gene            <1..>1835
                     /gene="TERT"
                     /locus_tag="HCM2861"
ORIGIN

  Query Match             22.7%;  Score 911.4;  DB 9;  Length 1835;
  Best Local Similarity   64.7%;  Pred. No. 1.8e-179;
  Matches 1188;  Conservative    0;  Mismatches  638;  Indels    9;  Gaps    3;

Qy       1629 GGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCC 1688
Db          1 GGAAGGACCGTGTCCCCGCTGCAGAGCACCGTCTGAGGGAGAGGATCCTGGCTACGTTCC 60

Qy       1689 TGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGG 1748
Db         61 TGTTCTGGCTGATGGACACATACGTGGTACAGCTGCTTAGGTCATTCTTTTACATCACAG 120

Qy       1749 AGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGC 1808
Db        121 AGAGCACATTCCAGAAGAACAGGCTCTTCTTCTACCGTAAGAGTGTGTGGAGCAAGCTGC 180

Qy       1809 AAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGCAG 1868
Db        181 AGAGCATTGGAGTCAGGCAACACCTTGAGAGAGTGCGGCTACGGGAGCTGTCACAAGAGG 240

Qy       1869 AGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCGCTTCATCC 1928
Db        241 AGGTCAGGCATCACCAGGACACCTGGCTAGCCATGCCCATCTGCAGACTGCGCTTCATCC 300

Qy       1929 CCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGCCAGAACGT 1988
Db        301 CCAAGCCCAACGGCCTGCGGCCCATTGTGAACATGAGTTATAGCATGGGTACCAGAGCTT 360

Qy       1989 TCCGCAG-AGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTTCAGCGTG 2047
Db        361 TGGGCAGAAGGAAGCAGGGCCCAGCATTTCACCCAGCGTCTCAAGACTCTCTTCAGCATG 420

Qy       2048 CTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGGCCTGGAC 2107
Db        421 CTCAACTATGAGCGGACAAAACATCCTCACCTTATGGGGTCTTCTGTACTGGGTATGAAT 480

Qy       2108 GATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCCGCCGCCT 2167
Db        481 GACATCTACAGGACCTGGCGGGCCTTTGTGCTGCGTGTGCGTGCTCTGGACCAGACACCC 540

Qy       2168 GAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCAGGACAGG 2227
Db        541 AGGATGTACTTTGTTAAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 600

Qy       2228 CTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCGTCGGTAT 2287
Db        601 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 660

Qy       2288 GCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCACGTCTCT 2347
Db        661 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTCACC 720

Qy       2348 ACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAG------GAG 2401
Db        721 ACCCTCTCTGACCTCCAGCCATACATGGGCCAGTTCCTTAAGCATCTGCAGGATTCAGAT 780

Qy       2402 ACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAGC 2461
Db        781 GCCAGTGCACTGAGGAACTCCGTTGTCATCGAGCAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 840

Qy       2462 AGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGGC 2521
Db        841 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 900

Qy       2522 AAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTGC 2581
Db        901 NNGTGCTATACGCAGTGCCAGGGCATCCCCCAGGGCTCCAGCCTATCCACCCTGCTCTGC 960

Qy       2582 AGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTG 2641
Db        961 AGTCTGTGTTTCGGAGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCTGAGGTGCAGCGGGATGGGTTG 1020

Qy       2642 CTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAACC 2701
Db       1021 CTTTTACGTTTTGTTGATGACTTTCTGTTGGTGACGCCTCACTTGGACCAAGCAAAAACC 1080

Qy       2702 TTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAG 2761
Db       1081 TTCCTCAGCACCCTGGTCCATGGCGTTCCTGAGTATGGGTGCATGATAAACTTGCAGAAG 1140

Qy       2762 ACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATG 2821
Db       1141 ACAGTGGTGAACTTCCCTGTGGAGCCTGGTACCCTGGGTGGTGCAGCTCCATACCAGCTG 1200

Qy       2822 CCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTG 2881
Db       1201 CCTGCTCACTGCCTGTTTCCCTGGTGTGGCTTGCTGCTGGACACTCAGACTTTGGAGGTG 1260

Qy       2882 CAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGC 2941
Db       1261 TTCTGTGACTACTCAGGTTATGCCCAGACCTCAATTAAGACGAGCCTCACCTTCCAGAGT 1320

Qy       2942 GGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGT 3001
Db       1321 GTCTTCAAAGCTGGGAAGACCATGCGGAACAAGCTCCTGTCGGTCTTGCGGTTGAAGTGT 1380

Qy       3002 CACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTAC 3061
Db       1381 CACGGTCTATTTCTAGACTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACAGTCTGCATCAATATATAC 1440

Qy       3062 AAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCAT 3121
Db       1441 AAGATCTTCCTGCTTCAGGCCTACAGGTTCCATGCATGTGTGATTCAGCTTCCCTTTGAC 1500

Qy       3122 CAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTC 3181
Db       1501 CAGCGTGTTAGGAAGAACCTCACATTCTTTCTGGGCATCATCTCCAGCCAAGCATCCTGC 1560

Qy       3182 TGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGG--GGGCCAAGGGCGCCG 3239
Db       1561 TGCTATGCTATCCTGAAGGTCAAGAATCCAGTGATCCCCCAGGAATGACACTAAAGGCCT 1620

Qy       3240 CCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGC 3299
Db       1621 CTGGCTCCTTTCCTCCTGAAGCCGCACATTGGCTCTGCTACCAGGCCTTCCTGCTCAAGC 1680

Qy       3300 TGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGC 3359
Db       1681 TGGCTGCTCATTCTGTCATCTACAAATGTCTCCTGGGACCTCTGAGGACAGCCCAAAAAC 1740
```

```
Qy       3360 AGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGG 3419
               |||| | ||||||||||| | | ||||  ||||   |||  | || |||||  |||| |
Db       1741 TGCTGTGCCGGAAGCTCCCAGAGGCGACAATGACCATCCTTAAAGCTGCAGCTGACCCAG 1800

Qy       3420 CACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGA 3454
              | ||   | |||||||  |||||||  |||||| |
Db       1801 CCCTAAGCACAGACTTTCAGACCATTTTGGACTAA 1835
```

```
RESULT 4
BM453198
LOCUS       BM453198                 925 bp    mRNA    linear   EST 05-FEB-2002
DEFINITION  AGENCOURT_6387556 NIH_MGC_71 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5529840
            5', mRNA sequence.
ACCESSION   BM453198
VERSION     BM453198.1  GI:18502238
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 925)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: ATCC
             cDNA Library Preparation: Life Technologies, Inc.
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Agencourt Bioscience Corporation
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
            Plate: LLAM12208  row: p  column: 01
            High quality sequence stop: 646.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .925
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:5529840"
                     /tissue_type="leiomyosarcoma"
                     /lab_host="DH10B (phage-resistant)"
                     /clone_lib="NIH_MGC_71"
                     /note="Organ: uterus; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1: NotI;
                     Site_2: SalI; Cloned unidirectionally.  Primer: Oligo dT.
                     Average insert size 2.1 kb.  "
ORIGIN

  Query Match             20.1%;  Score 806;  DB 4;  Length 925;
  Best Local Similarity   99.2%;  Pred. No. 1.7e-157;
  Matches  821;  Conservative    0;  Mismatches    5;  Indels    2;  Gaps    1;

Qy       2149 GGCCCAGGACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGA 2208
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2 GGCCCAGGACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGA 61

Qy       2209 CACCATCCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACAC 2268
              |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         62 CACCATTCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACAC 121

Qy       2269 GTACTGCGTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGC 2328
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        122 GTACTGCGTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGC 181

Qy       2329 CTTCAAGAGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGC 2388
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        182 CTTCAAGAGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGC 241

Qy       2389 TCACCTGCAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCT 2448
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        242 TCACCTGCAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCT 301

Qy       2449 GAATGAGGCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGT 2508
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        302 GAATGAGGCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGT 361

Qy       2509 GCGCATCAGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTC 2568
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        362 GCGCATCAGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTC 421

Qy       2569 CACGCTGCTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCG 2628
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        422 CACGCTGCTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCG 481

Qy       2629 GCGGGACGGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCAC 2688
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        482 GCGGGACGGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCAC 541

Qy       2689 CCACGCGAAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGT 2748
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        542 CCACGCGAAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGT 601

Qy       2749 GAACTTGCGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGC 2808
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        602 GAACTTGCGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGC 661

Qy       2809 TTTTGTTCAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCG 2868
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        662 TTTTGTTCAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCG 721

Qy       2869 GACCCTGGAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCT 2928
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        722 GACCCTGGAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCT 781

Qy       2929 CACCTTCAACCGCGGCTTCAA--GGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAA 2974
              |||||||||||||||||||||  |   || ||||||||||||||||||
Db        782 CACCTTCAACCGCGGCTTCAAAGGCTGGGAAGGAACATGCGTCGCAAA 829
```

```
RESULT 5
BU702370
LOCUS       BU702370                 851 bp    mRNA    linear   EST 15-JUL-2003
DEFINITION  UI-M-FI0-byx-f-12-0-UI.r1 NIH_BMAP_FI0 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:6400523 5', mRNA sequence.
ACCESSION   BU702370
VERSION     BU702370.1  GI:23627105
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 851)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Dr. Jim Lin, University of Iowa
             cDNA Library preparation: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             cDNA Library Arrayed by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             DNA Sequencing by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
             This clone was contributed by the Brain Molecular Anatomy Project
            (BMAP)
            Seq primer: pYX-5.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .851
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:6400523"
```

```
                    /tissue_type="whole brain"
                    /dev_stage="embryo 12.5dpc"
                    /lab_host="DH10B (T1 phage resistant)"
                    /clone_lib="NIH_BMAP_FI0"
                    /note="Organ: Brain; Vector: pYX- Asc; Site_1: EcoR I;
                    Site_2: Not I; The library was constructed according
                    Bonaldo, Lennon and Soares, Genome Research, 6:791-806,
                    1996. Denatured RNA was size fractionated on a 1% agarose
                    gel.First strand cDNA synthesis was primed with oligo-dT
                    primer containing a Not I site. Double strand cDNA was
                    size selected according to mRNA size fraction, ligated
                    with EcoR I adaptor, digested with NotI and then cloned
                    directionally into pYX-Asc vector. The library tag
                    sequence located between the Not I site and the polyA tail
                    is CAGCCACGAC. This library was created for the University
                    Iowa Brain Anatomy Project (BMAP): 'Gene Discovery in the
                    Developing Mouse Nervous System', supported by National
                    Institute of Mental Health (NIMH), Hemin Chin, Ph.D.,
                    program coordinator."
ORIGIN

  Query Match             12.5%;  Score 500.2;  DB 5;  Length 851;
  Best Local Similarity   75.1%;  Pred. No. 1.2e-93;
  Matches  638;  Conservative    0;  Mismatches  206;  Indels    6;  Gaps    1;

Qy       2262 AGAACACGTACTGCGTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCC 2321
Db          1 AGCGCACGTACTGTATCCGCCAGTATGCAGTGGTCCGGAGAGATAGCCAAGGCCAAGTCC 60

Qy       2322 GCAAGGCCTTCAAGAGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGT 2381
Db         61 ACAAGTCCTTTAGGAGACAGGTCACCACCCTCTCTGACCTCCAGCCATACATGGGCCAGT 120

Qy       2382 TCGTGGCTCACCTGCAG------GAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGC 2435
Db        121 TCCTTAAGCATCTGCAGGATTCAGATGCCAGTGCACTGAGGAACTCCGTTGTCATCGAGC 180

Qy       2436 AGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGT 2495
Db        181 AGAGCATCTCTATGAATGAGAGCAGCAGCAGCCTGTTTGACTTCTTCCTGCACTTCCTGC 240

Qy       2496 GCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGG 2555
Db        241 GTCACAGTGTCGTAAAGATTGGTGACAGGTGCTATACGCAGTGCCAGGGCATCCCCCAGG 300

Qy       2556 GCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGT 2615
Db        301 GCTCCAGCCTATCCACCCTGCTCTGCAGTCTGTGTTTCGGAGACATGGAGAACAAGCTGT 360

Qy       2616 TTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGA 2675
Db        361 TTGCTGAGGTGCAGCGGGATGGGTTGCTTTTACGTTTTGTTGATGACTTTCTGTTGGTGA 420

Qy       2676 CACCTCACCTCACCCACGCGAAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGT 2735
Db        421 CGCCTCACTTGGACCAAGCAAAAACCTTCCTCAGCACCCTGGTCCATGGCGTTCCTGAGT 480

Qy       2736 ATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCC 2795
Db        481 ATGGGTGCATGATAAACTTGCAGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTGGAGCCTGGTACCC 540

Qy       2796 TGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGC 2855
Db        541 TGGGTGGTGCAGCTCCATACCAGCTGCCTGCTCACTGCCTGTTTCCCTGGTGTGGCTTGC 600

Qy       2856 TGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCA 2915
Db        601 TGCTGGACACTCAGACTTTGGAGGTGTTCTGTGACTACTCAGGTTATGCCCAGACCTCAA 660

Qy       2916 TCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAAC 2975
Db        661 TTAAGACGAGCCTCACCTTCCAGAGTGTCTTCANAGCTGGGAAGACCATGCGGAACANGC 720

Qy       2976 TCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCC 3035
Db        721 TCCTGTCGGTCTTGCGGTTGAAGTGTCACGGTCTATTTCTAGACTTGCAGGTGAACAGCC 780

Qy       3036 TCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACG 3095
Db        781 TCCAGACAGTCTGCATCAATATATACAAGATCTTCCTGCTTCANGGCTACAGGTTCCATG 840

Qy       3096 CATGTGTGCT 3105
Db        841 CATGTGTGAT 850


RESULT 6
AW270031/c
LOCUS       AW270031                 468 bp    mRNA    linear   EST 03-JAN-2000
DEFINITION  xv57e03.x1 NCI_CGAP_Lu28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2817244 3',
            mRNA sequence.
ACCESSION   AW270031
VERSION     AW270031.1  GI:6657061
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 468)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP),
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Chris Moskaluk, M.D., Ph.D., Michael R.
            Emmert-Buck, M.D., Ph.D. cDNA Library Preparation: Life
            Technologies, Inc. cDNA Library Arrayed by: Christa Prange, The
            I.M.A.G.E. Consortium DNA Sequencing by: Washington University
            Genome Sequencing Center
             Clone distribution: NCI-CGAP clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            www-bio.llnl.gov/bbrp/image/image.html
            Seq primer: -40UP from Gibco
            High quality sequence stop: 416.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..468
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:2817244"
                     /tissue_type="two pooled squamous cell carcinomas"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_Lu28"
                     /note="Organ: lung; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1: SalI;
                     Site_2: NotI; Cloned unidirectionally.  Primer: Oligo dT.
                     Library constructed by Life Technologies."
ORIGIN

  Query Match             11.6%;  Score 465.4;  DB 2;  Length 468;
  Best Local Similarity   99.6%;  Pred. No. 2e-86;
  Matches  466;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       3543 CACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTGCA 3602
Db        468 CACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTGCA 409

Qy       3603 TGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCTGA 3662
Db        408 TGTCCGGTTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCTGA 349

Qy       3663 GTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCAGG 3722
Db        348 GTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCNCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCAGG 289

Qy       3723 GCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCCCC 3782
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         288 GCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCCCC 229

Qy        3783 AGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCCAG 3842
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         228 AGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCCAG 169

Qy        3843 GTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTGCC 3902
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         168 GTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTGCC 109

Qy        3903 CTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGGGA 3962
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         108 CTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGGGA 49

Qy        3963 GGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAA 4010
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          48 GGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAA 1
```

```
RESULT 7
BM824748
LOCUS       BM824748                 492 bp    mRNA    linear   EST 06-MAR-2002
DEFINITION  K-EST0096335 S22SNU16n1 Homo sapiens cDNA clone S22SNU16n1-99-E07
            5', mRNA sequence.
ACCESSION   BM824748
VERSION     BM824748.1  GI:19181161
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 492)
  AUTHORS   Kim,N.S., Hahn,Y., Oh,J.H., Lee,J.Y., Ahn,H.Y., Chu,M.Y., Kim,M.R.,
            Oh,K.J., Cheong,J.E., Sohn,H.Y., Kim,J.M., Park,H.S., Kim,S. and
            Kim,Y.S.
  TITLE     21C Frontier Korean EST Project 2001
  JOURNAL   Unpublished (2002)
COMMENT     Contact: Kim YS
            Genome Research Center
            Korea Research Institute of Bioscience & Biotechnology
            52 Eoeun-dong Yuseong-gu, Daejeon 305-333, South Korea
            Tel: +82-42-860-4470
            Fax: +82-42-860-4409
            Email: yongsung@mail.kribb.re.kr
            Plate: 99  row: E  column: 07
            High quality sequence stop: 492.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..492
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="S22SNU16n1-99-E07"
                     /sex="F"
                     /tissue_type="Ascites"
                     /cell_type="Lymphoblast-like"
                     /cell_line="SNU-16"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="S22SNU16n1"
                     /note="Organ: Stomach; Vector: pT7T3-Pac; Site_1: EcoRI;
                     Site_2: NotI; The S22SNU16 library was contributed by the
                     Soares laboratory and it was constructed as described by
                     Bonaldo, M.F., Lennon, G. and Soares, M.B. (1996), Genome
                     Research 6(9): 791-806. RNA was prepared from harvested
                     cells of SNU-16 culture. SNU-16 cell was obtained from
                     Korean Cell Line Bank (KCLB). SNU-16 was established from
                     ascitic fluids of Korean patients by Park J.G. et al.
                     (1990), Cancer Res 50: 2773-2780."
ORIGIN

  Query Match             11.1%;  Score 445;  DB 4;  Length 492;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 3.7e-82;
  Matches  445;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;
```

```
Qy        2768 GTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGCCGGCC 2827
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           1 GTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGCCGGCC 60

Qy        2828 CACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGC 2887
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          61 CACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGC 120

Qy        2888 GACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTC 2947
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         121 GACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTC 180

Qy        2948 AAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGC 3007
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         181 AAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGC 240

Qy        3008 CTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATC 3067
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         241 CTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATC 300

Qy        3068 CTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAA 3127
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         301 CTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAA 360

Qy        3128 GTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTAC 3187
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         361 GTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTAC 420

Qy        3188 TCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAG 3212
               |||||||||||||||||||||||||
Db         421 TCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAG 445
```

```
RESULT 8
BG917907
LOCUS       BG917907                 851 bp    mRNA    linear   EST 05-JUN-2001
DEFINITION  602820830F1 NCI_CGAP_Mam6 Mus musculus cDNA clone IMAGE:4949887 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   BG917907
VERSION     BG917907.1  GI:14298383
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 851)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Jeffrey Green M.D.
             cDNA Library Preparation: Life Technologies, Inc.
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Incyte Genomics, Inc.
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
            Plate: LLAM10903  row: k  column: 08
            High quality sequence stop: 753.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..851
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="FVB/N"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:4949887"
                     /sex="female, virgin"
                     /tissue_type="infiltrating ductal carcinoma"
                     /dev_stage="5 months"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_Mam6"
```

```
                     /note="Organ: mammary; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1: SalI;
                     Site_2: NotI; Cloned unidirectionally.  Primer: Oligo dT.
                     Library constructed by Life Technologies. Investigator
                     providing samples: Jeffrey Green, M.D., NIH"
ORIGIN

  Query Match             10.4%;  Score 419;  DB 4;  Length 851;
  Best Local Similarity   71.9%;  Pred. No. 1.1e-76;
  Matches  579;  Conservative    0;  Mismatches  215;  Indels   11;  Gaps    2;

Qy       2651 TTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAACCTTCCTCAGG 2710
Db         38 TTGTGTGATGACTTTCTGTAGGTGACGCCTCACTTGGACCAAGCAAAAACCTTCCTCAGC 97

Qy       2711 ACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAGTGGTG 2770
Db         98 ACCCTGGTCCATGGCGTTCCTGAGTATGGGTGCATGATAAACTTGCAGAAGACAGTGGTG 157

Qy       2771 AACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGCCGGCCCAC 2830
Db        158 AACTTCCCTGTGGAGCCTGGTACCCTGGGTGGTGCAGCTCCATACCAGCTGCCTGCTCAC 217

Qy       2831 GGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGCGAC 2890
Db        218 TGCCTGTTTCCCTGGTGTGGCTTGCTGCTGGACACTCAGACTCTGGAGGTGTTCTGTGAC 277

Qy       2891 TACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTCAAG 2950
Db        278 TACTCAGGTTATGCCCAGACCTCAATTAAGACGAGCCTCACCTTCCAGAGTGTCTTCAAA 337

Qy       2951 GCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGCCTG 3010
Db        338 GCTGGGAAGACCATGCGGAACAAGCTCCTGTCGGTCTTGCGGTTGAAGTGTCACGGTCTA 397

Qy       3011 TTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATCCTC 3070
Db        398 TTTCTAGACTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACAGTCTGCATCAATATATACAAGATCTTC 457

Qy       3071 CTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAAGTT 3130
Db        458 CTGCTTCAGGCCTACAGGTTCCATGCATGTGTGATTCAGCTTCCCTTTGACCAGCGTGTT 517

Qy       3131 TGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTACTCC 3190
Db        518 AGGAAGAACCTCACATTCTTTCTGGGCATCATCTCCAGCCAAGCATCCTGCTGCTATGCT 577

Qy       3191 ATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGCCGGCCCTCTG 3250
Db        578 ATCCTGAAGGTCAAGAATCCAGGAATGACACTAAAGGCCTCTGGCTC----------CTT 627

Qy       3251 CCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCT-GCTCAAGCTGACTCGACA 3309
Db        628 TCCTCCTGAAGCCGACATTGGCTCTGCTACCAGGCCTTCCTGGCTCAAGCTGGCTGCTCA 687

Qy       3310 CCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCAGCTGAGTCG 3369
Db        688 TTCTGTCATCTACAAATGTCTCCTGGGACCTCTGAGGACAGCCCAAAAACCGCTGTGCCG 747

Qy       3370 GAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGCACTGCCCTC 3429
Db        748 GAAGCTCGCAGAGGCGACAATGACCATGCTTACAGCTGCAGCTGACCCAGACCTAAGGAC 807

Qy       3430 AGACTTCAAGACCATCCTGGACTGA 3454
Db        808 AGACTTTCAGGACCATTGGGACTAA 832


RESULT 9
AW276315/c
LOCUS       AW276315                 416 bp    mRNA    linear   EST 03-JAN-2000
DEFINITION  xr10b12.x1 NCI_CGAP_Lu28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2759711 3',
            mRNA sequence.
ACCESSION   AW276315
VERSION     AW276315.1  GI:6663345
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 416)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP),
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Chris Moskaluk, M.D., Ph.D., Michael R.
            Emmert-Buck, M.D., Ph.D. cDNA Library Preparation: Life
            Technologies, Inc. cDNA Library Arrayed by: Christa Prange, The
            I.M.A.G.E. Consortium DNA Sequencing by: Washington University
            Genome Sequencing Center
             Clone distribution: NCI-CGAP clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            www-bio.llnl.gov/bbrp/image/image.html
            Seq primer: -40UP from Gibco
            High quality sequence stop: 413.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..416
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:2759711"
                     /tissue_type="two pooled squamous cell carcinomas"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_Lu28"
                     /note="Organ: lung; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1: SalI;
                     Site_2: NotI; Cloned unidirectionally.  Primer: Oligo dT.
                     Library constructed by Life Technologies."
ORIGIN

  Query Match             10.4%;  Score 416;  DB 2;  Length 416;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 4.1e-76;
  Matches  416;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       3594 AGGCCTGCATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCC 3653
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        416 AGGCCTGCATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCC 357

Qy       3654 AAGGGCTGAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTC 3713
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        356 AAGGGCTGAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTC 297

Qy       3714 CACCCCAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAG 3773
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        296 CACCCCAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAG 237

Qy       3774 TCCATCCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCC 3833
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        236 TCCATCCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCC 177

Qy       3834 ACCATCCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAA 3893
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        176 ACCATCCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAA 117

Qy       3894 AGGTGTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAA 3953
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        116 AGGTGTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAA 57

Qy       3954 TTGGGGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGA 4009
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         56 TTGGGGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGA 1


RESULT 10
AA281296
LOCUS       AA281296                 389 bp    mRNA    linear   EST 14-AUG-1997
```

```
DEFINITION  zt08g02.r1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:712562 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   AA281296
VERSION     AA281296.1  GI:1924194
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 389)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP),
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            This clone is available royalty-free through LLNL ; contact the
            IMAGE Consortium (info@image.llnl.gov) for further information.
            Insert Length: 2187   Std Error: 0.00
            Seq primer: -28m13 rev2 ET from Amersham
            High quality sequence stop: 385.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..389
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:712562"
                     /tissue_type="germinal center B cell"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_GCB1"
                     /note="Vector: pT7T3D-Pac (Pharmacia) with a modified
                     polylinker; Site_1: Not I; Site_2: Eco RI; 1st strand cDNA
                     was prepared from human tonsillar cells enriched for
                     germinal center B cells by flow sorting (CD20+, IgD-),
                     provided by Dr. Louis M. Staudt (NCI), Dr. David Allman
                     (NCI) and Dr. Gerald Marti (CBER).  cDNA synthesis was
                     primed with a Not I - oligo(dT) primer
                     [5'-TGTTACCAATCTGAAGTGGGAGCGGCCGCCTCATTTTTTTTTTTTTTTTTT-3'
                     ]. Double-stranded cDNA was ligated to Eco RI adaptors
                     (Pharmacia), digested with Not I and cloned into the Not I
                     and Eco RI sites of the modified pT7T3 vector. Library
                     went through one round of normalization, and was
                     constructed by Bento Soares and M. Fatima Bonaldo."
ORIGIN

  Query Match             9.6%;  Score 385.8;  DB 1;  Length 389;
  Best Local Similarity   99.5%;  Pred. No. 8.3e-70;
  Matches  387;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1679 GCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTT 1738
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTT 60

Qy       1739 TATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGG 1798
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 TATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGG 120

Qy       1799 AGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTG 1858
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||
Db        121 AGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGACGTG 180

Qy       1859 TCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTC 1918
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 TCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTC 240

Qy       1919 CGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGA 1978
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 CGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGA 300

Qy       1979 GCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTG 2038
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 GCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTG 360

Qy       2039 TTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCG 2067
              |||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 TTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCG 389


RESULT 11
CN274427
LOCUS       CN274427                 409 bp    mRNA    linear   EST 16-MAY-2004
DEFINITION  17000531326763 GRN_ES Homo sapiens cDNA 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CN274427
VERSION     CN274427.1  GI:47290841
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 409)
  AUTHORS   Brandenberger,R., Wei,H., Zhang,S., Lei,S., Murage,J., Fisk,G.J.,
            Li,Y., Xu,C., Fang,R., Guegler,K., Rao,M.S., Mandalam,R.,
            Lebkowski,J and Stanton,L.W.
  TITLE     Transcriptome characterization elucidates signaling networks that
            control human ES cell growth and differentiation
  JOURNAL   Nat. Biotechnol. 22 (6), 707-716 (2004)
COMMENT     Contact: Brandenberger R
            Regenerative Medicine
            Geron Corporation
            230 Constitution Drive, Menlo Park, CA 94025, USA
            Tel: 650 473 8658
            Fax: 650 473 7760
            Email: rbrandenberger@geron.com
            Insert Length: 409   Std Error: 0.00.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..409
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /tissue_type="embryonic stem cells, cell lines H1, H7, and
                     H9"
                     /clone_lib="GRN_ES"
                     /note="oligo dT primed, full-length enriched cDNA library
                     from undifferentiated hES cell lines H1 (p32), H7 (p29),
                     and H9 (p26) maintained in feeder-free conditions"
ORIGIN

  Query Match             9.5%;  Score 381.4;  DB 7;  Length 409;
  Best Local Similarity   99.7%;  Pred. No. 7e-69;
  Matches  382;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         27 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 86

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         87 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 146

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        147 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 206

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        207 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 266

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        267 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 326

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Db        327 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCAGCTTCGC 386

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGG 383
```

```
                   |||||||||||||||||||||||
Db         387 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGG 409

RESULT 12
CF531121
LOCUS       CF531121                 688 bp    mRNA    linear   EST 12-SEP-2003
DEFINITION  UI-M-FY0-cgp-m-21-0-UI.r1 NIH_BMAP_FY0 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:30355988 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CF531121
VERSION     CF531121.1  GI:34583085
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 688)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Dr. Jim Lin, University of Iowa
             cDNA Library preparation: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             cDNA Library Arrayed by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             DNA Sequencing by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             Clone Distribution: Distribution information can be found at
            http://genome.uiowa.edu/distribution/mousefl.html
             This clone was contributed by the Brain Molecular Anatomy Project
            (BMAP)
            Seq primer: pYX-5.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..688
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:30355988"
                     /tissue_type="whole brain"
                     /dev_stage="embryo 13.5,14.5,16.5,17.5dpc"
                     /lab_host="DH10B (T1 phage resistant)"
                     /clone_lib="NIH_BMAP_FY0"
                     /note="Organ: Brain; Vector: pYX- Asc; Site_1: EcoR I;
                     Site_2: Not I; The library was constructed according
                     Bonaldo, Lennon and Soares, Genome Research, 6:791-806,
                     1996. Denatured RNA was size fractionated on a 1% agarose
                     gel. First strand cDNA synthesis was primed with oligo-dT
                     primer containing a Not I site. Double strand cDNA was
                     size selected according to mRNA size fraction, ligated
                     with EcoR I adaptor, digested with NotI and then cloned
                     directionally into pYX-Asc vector. The library tag
                     sequence located between the Not I site and the polyA tail
                     is AGCGAGACAG. This library was created for the University
                     Iowa Brain Anatomy Project (BMAP): 'Gene Discovery in the
                     Developing Mouse Nervous System', supported by National
                     Institute of Mental Health (NIMH), Hemin Chin, Ph.D.,
                     program coordinator."
ORIGIN

  Query Match             8.6%;  Score 346.2;  DB 7;  Length 688;
  Best Local Similarity   73.9%;  Pred. No. 1.7e-61;
  Matches  438;  Conservative    0;  Mismatches  155;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          40 CCCGGCCACCCCCGCGATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCG 99
               |||||||      | | ||| | |||||||| || ||||   || |||||||| ||||||||
Db          63 CCCGGCCTTGAGCACAATGACCCGCGCTCCTCGTTGCCCCGCGGTGCGCTCTCTGCTGCG 122

Qy         100 CAGCCACTACCGCGAGGTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGG 159
               |||||  ||||| ||||||  ||||||||| || || |||||||||||||||||| ||||
Db         123 CAGCCGATACCGGGAGGTGTGGCCGCTGGCAACCTTTGTGCGGCGCCTGGGGCCCGAGGG 182

Qy         160 CTGGCGGCTGGTGCAGCGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCT 219
               | ||||||| ||||| | ||||||||||    |     | |||| |    |||| ||||| |||||
Db         183 CAGGCGGCTTGTGCAACCCGGGGACCCGAAGATCTACCGCACTTTGGTTGCCCAATGCCT 242

Qy         220 GGTGTGCGTGCCCTGGGACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTC 279
                |||||| ||| ||||| | ||| ||| || || |||| ||   ||||||| ||||||||
Db         243 AGTGTGCATGCACTGGGGCTCACAGCCTCCACCTGCCGACCTTTCCTTCCACCAGGTGTC 302

Qy         280 CTGCCTGAAGGAGCTGGTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAA 339
                | |||||| |||||||||||| | ||  |||||| || ||||||||| .|| ||  ||
Db         303 ATCCCTGAAAGAGCTGGTGGCCAGGGTTGTGCAGAGACTCTGCGAGCGCAACGAGAGAAA 362

Qy         340 CGTGCTGGCCTTCGGCTTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTT 399
               ||||||||| || ||||| | ||||||  |||  ||| | || || |||  ||||||
Db         363 CGTGCTGGCTTTTGGCTTTGAGCTGCTTAACGAGGCCAGAGGCGGGCCTCCCATGGCCTT 422

Qy         400 CACCACCAGCGTGCGCAGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGG 459
               ||| |  ||||||| ||||| ||||||||| || |  ||  | ||||| |  || ||
Db         423 CACTAGTAGCGTGCGTAGCTACTTGCCCAACACTGTTATTGAGACCCTGCGTGTCAGTGG 482

Qy         460 GGCGTGGGGGCTGCTGCTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACG 519
                || |||  ||| ||| || |||| ||||||||||| |||||||  |||||||||||
Db         483 TGCATGGATGCTACTGTTGAGCCGAGTGGGCGACGACCTGCTGGTCTACCTGCTGGCACA 542

Qy         520 CTGCGCGCTCTTTGTGCTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCT 579
               ||| || || | | | ||||||| | |||||||| ||||||||||  | |  ||||
Db         543 CTGTGCTCTTTATCTTCTGGTGCCCCCCAGCTGTGCCTACCAGGGGAGATGGCCANGAGC 602

Qy         580 GTACCAGCTCGGCGCTGCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGAC 632
               ||    | | |   | | ||||||  |  ||   |   || |||
Db         603 GTCTAAACCCCTCATTCCTACTCAGCANCCTCCAGCCTAACTTGACTGGGGCC 655

RESULT 13
CF531069
LOCUS       CF531069                 649 bp    mRNA    linear   EST 12-SEP-2003
DEFINITION  UI-M-FY0-cgp-c-19-0-UI.r1 NIH_BMAP_FY0 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:30355746 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CF531069
VERSION     CF531069.1  GI:34583033
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 649)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Dr. Jim Lin, University of Iowa
             cDNA Library preparation: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             cDNA Library Arrayed by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             DNA Sequencing by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             Clone Distribution: Distribution information can be found at
            http://genome.uiowa.edu/distribution/mousefl.html
             This clone was contributed by the Brain Molecular Anatomy Project
            (BMAP)
            Seq primer: pYX-5.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..649
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:30355746"
                     /tissue_type="whole brain"
                     /dev_stage="embryo 13.5,14.5,16.5,17.5dpc"
                     /lab_host="DH10B (T1 phage resistant)"
                     /clone_lib="NIH_BMAP_FY0"
                     /note="Organ: Brain; Vector: pYX- Asc; Site_1: EcoR I;
                     Site_2: Not I; The library was constructed according
                     Bonaldo, Lennon and Soares, Genome Research, 6:791-806,
                     1996. Denatured RNA was size fractionated on a 1% agarose
```

```
              gel. First strand cDNA synthesis was primed with oligo-dT
              primer containing a Not I site. Double strand cDNA was
              size selected according to mRNA size fraction, ligated
              with EcoR I adaptor, digested with NotI and then cloned
              directionally into pYX-Asc vector. The library tag
              sequence located between the Not I site and the polyA tail
              is AGCGAGACAG. This library was created for the University
              Iowa Brain Anatomy Project (BMAP): 'Gene Discovery in the
              Developing Mouse Nervous System', supported by National
              Institute of Mental Health (NIMH), Hemin Chin, Ph.D.,
              program coordinator."
ORIGIN

  Query Match             8.5%;  Score 340.4;  DB 7;  Length 649;
  Best Local Similarity   77.3%;  Pred. No. 2.7e-60;
  Matches  413;  Conservative    0;  Mismatches  121;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy         40 CCCGGCCACCCCCGCGATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCG 99
              ||||||       | | ||| | |||||||| || ||||  || |||||||| |||||||
Db         26 CCCGGCCTTGAGCACAATGACCCGCGCTCCTCGTTGCCCCGCGGTGCGCTCTCTGCTGCG 85

Qy        100 CAGCCACTACCGCGAGGTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGG 159
              |||||  ||||| ||||||  |||||||| || || ||||||||||||||||| ||||
Db         86 CAGCCGATACCGGGAGGTGTGGCCGCTGGCAACCTTTGTGCGGCGCCTGGGGCCCGAGGG 145

Qy        160 CTGGCGGCTGGTGCAGCGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCT 219
               | ||||||| ||||| | ||||||||||   |     | |||| |   |||| ||||| |||||
Db        146 CAGGCGGCTTGTGCAACCCGGGGACCCGAAGATCTACCGCACTTTGGTTGCCCAATGCCT 205

Qy        220 GGTGTGCGTGCCCTGGGACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTC 279
                |||||| ||| ||||| | ||| ||| || || |||| ||   ||||||| ||||||||
Db        206 AGTGTGCATGCACTGGGGCTCACAGCCTCCACCTGCCGACCTTTCCTTCCACCAGGTGTC 265

Qy        280 CTGCCTGAAGGAGCTGGTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAA 339
                | |||||| |||||||||||| | || ||||||| || |||||||||  || || ||
Db        266 ATCCCTGAAAGAGCTGGTGGCCAGGGTTGTGCAGAGACTCTGCGAGCGCAACGAGAGAAA 325

Qy        340 CGTGCTGGCCTTCGGCTTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTT 399
              |||||||| || ||||| | ||||||  ||| |||| || || || || |||  ||||||
Db        326 CGTGCTGGCTTTTGGCTTTGAGCTGCTTAACGAGGCCAGAGGCGGGCCTCCCATGGCCTT 385

Qy        400 CACCACCAGCGTGCGCAGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGG 459
              ||| |  |||||||| |||||| |||||||||| || |   ||   | ||||| |  || ||
Db        386 CACTAGTAGCGTGCGTAGCTACTTGCCCAACACTGTTATTGAGACCCTGCGTGTCAGTGG 445

Qy        460 GGCGTGGGGGCTGCTGCTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACG 519
                || |||  ||| ||| || |||| |||||||||||| |||||||  |||||||||||
Db        446 TGCATGGATGCTACTGTTGAGCCGAGTGGGCGACGACCTGCTGGTCTACCTGCTGGCACA 505

Qy        520 CTGCGCGCTCTTTGTGCTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCC 573
                ||| || || | | | ||||||  | |||||||| ||||||||| | |  ||||
Db        506 CTGTGCTCTTTATCTTCTGGTGCCCCCCAGCTGTGCCTACCAGGGGAGATGGCC 559


RESULT 14
BB618671
LOCUS       BB618671                599 bp    mRNA    linear   EST 26-OCT-2001
DEFINITION  BB618671 RIKEN full-length enriched, 8 days embryo Mus musculus
            cDNA clone 5730412M20 5', mRNA sequence.
ACCESSION   BB618671
VERSION     BB618671.1  GI:16458173
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 599)
  AUTHORS   Arakawa,T., Carninci,P., Fukuda,S., Furuno,M., Hanagaki,T.,
            Hara,A., Hiramoto,K., Hori,F., Ishii,Y., Ito,M., Kawai,J.,
            Konno,H., Kouda,M., Koya,S., Matsuyama,T., Miyazaki,A., Nomura,K.,
            Ohno,M., Okazaki,Y., Okido,T., Saito,R., Sakai,C., Sakai,K.,
            Sano,H., Sasaki,D., Shibata,K., Shinagawa,A., Shiraki,T.,
            Sogabe,Y., Suzuki,H., Tagami,M., Tagawa,A., Takahashi,F.,
            Takeda,Y., Tanaka,T., Toya,T., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     RIKEN Mouse ESTs (Arakawa,T., et al. 2001)
  JOURNAL   Unpublished (2001)
COMMENT     Contact: Yoshihide Hayashizaki
            Laboratory for Genome Exploration Research Group, RIKEN Genomic
            Sciences Center(GSC), Yokohama Institute
            The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN)
            1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa 230-0045, Japan
            Tel: 81-45-503-9222
            Fax: 81-45-503-9216
            Email: genome-res@gsc.riken.jp, URL:http://genome.gsc.riken.jp/
            Carninci,P., Shibata,Y., Hayatsu,N., Sugahara,Y., Shibata,K.,
            Itoh,M., Konno,H., Okazaki,Y., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
             Normalization and subtraction of cap-trapper-selected cDNAs to
            prepare full-length cDNA libraries for rapid discovery of new
            genes. Genome Res. . 10 (10), 1617-1630 (2000)
             wagi,K., Fujiwake,S., Inoue,K., Togawa,Y., Izawa,M., Ohara,E.,
            Watahiki,M., Yoneda,Y., Ishikawa,T., Ozawa,K., Tanaka,T.,
            Matsuura,S., Kawai,J., Okazaki,Y., Muramatsu,M., Inoue,Y., Kira,A.
            and Hayashizaki,Y.
             RIKEN integrated sequence analysis (RISA) system--384-format
            sequencing pipeline with 384 multicapillary sequencer. Genome Res. .
            10 (11), 1757-1771 (2000)
             Konno,H., Fukunishi,Y., Shibata,K., Itoh,M., Carninci,P.,
            Sugahara,Y. and Hayashizaki,Y.
             Computer-based methods for the mouse full-length cDNA
            encyclopedia: real-time sequence clustering for construction of a
            nonredundant cDNA library. Genome Res. . 11 (2), 281-289 (2001)
             Kondo,S., Shinagawa,A., Saito,T., Kiyosawa,H., Yamanaka,I.,
            Aizawa,K., Fukuda,S., Hara,A., Itoh,M., Kawai,J., Shibata,K. and
            Hayashizaki,Y.
             Computational Analysis of Full-Length Mouse cDNAs Compared with
            Human Genome Sequences. Mamm. Genome. 12, 673-677 (2001)
             Please visit our web site (http://genome.gsc.riken.go.jp) for
            further details.
             e mouse tissues.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .599
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="5730412M20"
                     /sex="mixed"
                     /dev_stage="8 days embryo"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="RIKEN full-length enriched, 8 days embryo"
                     /note="Site_1: SalI; Site_2: BamHI; cDNA library was
                     prepared and sequenced in Mouse Genome Encyclopedia
                     Project of Genome Exploration Research Group in Riken
                     Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in
                     RIKEN. Division of Experimental Animal Research in Riken
                     contributed to prepare mouse tissues. 1st strand cDNA was
                     primed with a primer [5'
                     GAGAGAGAGAAGGATCCAAGAGCTCTTTTTTTTTTTTTTTTTVN 3'], cDNA was
                     prepared by using trehalose thermo-activated reverse
                     transcriptase and subsequently enriched for full-length by
                     cap-trapper. cDNA went through one round of subtraction to
                     Rot = 100.0 Second strand cDNA was prepared with the
                     primer adapter of sequence [5'
                     GAGAGAGAGATTCTCGAGTTAATTAAATTAATCCCCCCCCCCCC 3']. cDNA
                     was cloned into the XhoI and BamHI sites. Vector: a
                     modified pBluescript KS(+) after bulk excision from Lambda
                     FLC I. Cloning sites, 5' end: SalI; 3' end: BamHI."
ORIGIN

  Query Match             8.0%;  Score 322;  DB 2;  Length 599;
  Best Local Similarity   74.9%;  Pred. No. 1.9e-56;
  Matches  403;  Conservative    0;  Mismatches  135;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          2 CAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCCG 61
              || |  ||| || || | | | | |  | |      |      ||||||      | | ||| |
Db         61 CACCCTTGCATCTTGGTTCCCGCACGTGGGAGGCCCATCCCGGCCTTGAGCACAATGACC 120
```

```
Qy         62 CGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCTG 121
Db        121 CGCGCTCCTCGTTGCCCCGCGGTGCGCTCTCTGCTGCGCAGCCGATACCGGGAGGTGTGG 180

Qy        122 CCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGGG 181
Db        181 CCGCTGGCAACCTTTGTGCGGCGCCTGGGGCCCGAGGGCAGGCGGCTTGTGCAACCCGGG 240

Qy        182 GACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGCA 241
Db        241 GACCCGAAGATCTACCGCACTTTGGTTGCCCAATGCCTAGTGTGCATGCACTGGGGCTCA 300

Qy        242 CGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGCC 301
Db        301 CAGCCTCCACCTGCCGACCTTTCCTTCCACCAGGTGTCATCCCTGAAAGAGCTGGTGGCC 360

Qy        302 CGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGCG 361
Db        361 AGGGTTGTGCAGAGACTCTGCGAGCGCAACGAGAGAAACGTGCTGGCTTTTGGCTTTGAG 420

Qy        362 CTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTAC 421
Db        421 CTGCTTAACGAGGCCAGAGGCGGGCCTCCCATGGCCTTCACTAGTAGCGTGCGTAGCTAC 480

Qy        422 CTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCGC 481
Db        481 TTGCCCAACACTGTTATTGAGACCCTGCGTGTCAGTGGTGCATGGATGCTACTGTTGAGC 540

Qy        482 CGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGG 539
Db        541 CGAGTGGGCGACGACCTGCTGGTCTACCTGCTGGCACACTGTGCTCTTTATCTTCTGG 598
```

```
RESULT 15
BQ258274
LOCUS       BQ258274                 664 bp    mRNA    linear   EST 06-MAY-2002
DEFINITION  NISC_kp11g04.q3 Baker mouse embryo e7.5 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:5409222, mRNA sequence.
ACCESSION   BQ258274
VERSION     BQ258274.1  GI:20459030
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 664)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP),
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            cDNA Library Preparation: J. Baker (Stanford University)
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium/LLNL
             DNA Sequencing by: National Institutes of Health Intramural
            Sequencing Center (NISC)
             Clone distribution: NCI-CGAP clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            info@image.llnl.gov
             MGI:1845958
            Plate: LLAM12043  row: N  column: 7
            Seq primer: Sp6 primer.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..664
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="CD-1"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:5409222"
                     /tissue_type="embryo, late gastrula"
                     /dev_stage="embryo, 7.5 dpc"
                     /lab_host="XL1-Blue"
                     /clone_lib="Baker mouse embryo e7.5"
                     /note="Vector: pCS105; Site_1: NotI; Site_2: SalI; cDNA
                     made by oligo-dT priming. Directionally cloned into
                     SalI/NotI sites using the following 5' adaptor:
                     5'-TCGACCCACGCGTCCG-3'. Size-selected for average insert
                     size 1.8-1.9 kb. Library constructed by J. Baker (Stanford
                     University)."
ORIGIN

  Query Match             7.9%;  Score 317.8;  DB 5;  Length 664;
  Best Local Similarity   68.3%;  Pred. No. 1.4e-55;
  Matches  479;  Conservative    0;  Mismatches  177;  Indels   45;  Gaps    1;
```

```
Qy       1108 GCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTG 1167
Db          9 GCCTAACTTGACTGGGGCCAGGAGACTGGTGGAGATCATCTTTCTGGGCTCAAGGCCTAG 68

Qy       1168 GATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCC 1227
Db         69 GACATCAGGACCACTCTGCAGGACACACCGTCTATCGCGTCGATACTGGCAGATGCGGCC 128

Qy       1228 CCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGAC 1287
Db        129 CCTGTTCCAACAGCTGCTGGTGAACCATGCAGAGTGCCAATATGTCAGACTCCTCAGGTC 188

Qy       1288 GCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCC 1347
Db        189 ACATTGCAGGTTTCGAACAGCAAACCAACAGGTGACAGATGCCT---------------- 232

Qy       1348 CCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCT 1407
Db        233 -----------------------------TGAACACCAGCCCACCGCACCTCATGGATTT 263

Qy       1408 GCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCG 1467
Db        264 GCTCCGCCTGCACAGCAGTCCCTGGCAGGTATATGGTTTTCTTCGGGCCTGTCTCTGCAA 323

Qy       1468 GCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACAC 1527
Db        324 GGTGGTGTCTGCTAGTCTCTGGGGTACCAGGCACAATGAGCGCCGCTTCTTTAAGAACTT 383

Qy       1528 CAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAA 1587
Db        384 AAAGAAGTTCATCTCGTTGGGGAAATACGGCAAGCTATCACTGCAGGAACTGATGTGGAA 443

Qy       1588 GATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGC 1647
Db        444 GATGAAAGTAGAGGATTGCCACTGGCTCCGCAGCAGCCCAGGGAAGGACCGTGTCCCCGC 503

Qy       1648 CGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGT 1707
Db        504 TGCAGAGCACCGTCTGAGGGAGAGGATCCTGGCTACGTTCCTGTTCTGGCTGATGGACAC 563

Qy       1708 GTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAA 1767
Db        564 ATACGTGGTACAGCTGCTTAGGTCATTCTTTTACATCACAGAGAGCACATTCCAGAAGAA 623

Qy       1768 CAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGC 1808
Db        624 CAGGCTCTTCTTCTACCGTAAGAGTGTGTGGAGCAAGCTGC 664
```

```
RESULT 16
AA811084/c
LOCUS       AA811084                 340 bp    mRNA    linear   EST 19-FEB-1998
DEFINITION  oa85c05.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1319048 3',
            mRNA sequence.
ACCESSION   AA811084
VERSION     AA811084.1  GI:2880695
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
```

```
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 340)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP),
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Louis M. Staudt, M.D., Ph.D., David Allman,
            Ph.D., Gerald Marti, M.D.
             cDNA Library Preparation: M. Bento Soares, Ph.D., M. Fatima
            Bonaldo, Ph.D.
             cDNA Library Arrayed by: Greg Lennon, Ph.D.
             DNA Sequencing by: Washington University Genome Sequencing Center
             Clone distribution: NCI-CGAP clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            www-bio.llnl.gov/bbrp/image/image.html
            Insert Length: 2249   Std Error: 0.00
            Seq primer: -40m13 fwd. ET from Amersham
            High quality sequence stop: 331.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .340
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:1319048"
                     /tissue_type="germinal center B cell"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_GCB1"
                     /note="Vector: pT7T3D-Pac (Pharmacia) with a modified
                     polylinker; Site_1: Not I; Site_2: Eco RI; 1st strand cDNA
                     was prepared from human tonsillar cells enriched for
                     germinal center B cells by flow sorting (CD20+, IgD-),
                     provided by Dr. Louis M. Staudt (NCI), Dr. David Allman
                     (NCI) and Dr. Gerald Marti (CBER).  cDNA synthesis was
                     primed with a Not I - oligo(dT) primer
                     [5'-TGTTACCAATCTGAAGTGGGAGCGGCCGCCTCATTTTTTTTTTTTTTTTTT-3'
                     ]. Double-stranded cDNA was ligated to Eco RI adaptors
                     (Pharmacia), digested with Not I and cloned into the Not I
                     and Eco RI sites of the modified pT7T3 vector. Library
                     went through one round of normalization, and was
                     constructed by Bento Soares and M. Fatima Bonaldo."
ORIGIN

  Query Match             7.6%;  Score 305.4;  DB 1;  Length 340;
  Best Local Similarity   99.1%;  Pred. No. 5e-53;
  Matches  328;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    2;  Gaps    2;

Qy       3685 TCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAG 3744
              ||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        340 TCACTTCCCCACAGG-TGGCGCTCGGCTCCACCCCAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAG 282

Qy       3745 CCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCT 3804
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        281 CCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCT 222

Qy       3805 CGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCC 3864
              |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Db        221 CGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCAACCATCCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCC 162

Qy       3865 TGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTG 3924
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        161 TGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTG 102

Qy       3925 CACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACT 3984
              ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        101 CACCTGGATGGGGGT-CCTGTGGGTCAAATTGGGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACT 43

Qy       3985 GAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||
Db         42 GAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 12
```

```
RESULT 17
BB651920
LOCUS       BB651920                 614 bp    mRNA    linear   EST 26-OCT-2001
DEFINITION  BB651920 RIKEN full-length enriched, ES cells Mus musculus cDNA
            clone C330020G14 5', mRNA sequence.
ACCESSION   BB651920
VERSION     BB651920.1  GI:16486058
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 614)
  AUTHORS   Arakawa,T., Carninci,P., Fukuda,S., Furuno,M., Hanagaki,T.,
            Hara,A., Hiramoto,K., Hori,F., Ishii,Y., Ito,M., Kawai,J.,
            Konno,H., Kouda,M., Koya,S., Matsuyama,T., Miyazaki,A., Nomura,K.,
            Ohno,M., Okazaki,Y., Okido,T., Saito,R., Sakai,C., Sakai,K.,
            Sano,H., Sasaki,D., Shibata,K., Shinagawa,A., Shiraki,T.,
            Sogabe,Y., Suzuki,H., Tagami,M., Tagawa,A., Takahashi,F.,
            Takeda,Y., Tanaka,T., Toya,T., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     RIKEN Mouse ESTs (Arakawa,T., et al. 2001)
  JOURNAL   Unpublished (2001)
COMMENT     Contact: Yoshihide Hayashizaki
            Laboratory for Genome Exploration Research Group, RIKEN Genomic
            Sciences Center(GSC), Yokohama Institute
            The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN)
            1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa 230-0045, Japan
            Tel: 81-45-503-9222
            Fax: 81-45-503-9216
            Email: genome-res@gsc.riken.jp, URL:http://genome.gsc.riken.jp/
            Carninci,P., Shibata,Y., Hayatsu,N., Sugahara,Y., Shibata,K.,
            Itoh,M., Konno,H., Okazaki,Y., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
             Normalization and subtraction of cap-trapper-selected cDNAs to
            prepare full-length cDNA libraries for rapid discovery of new
            genes. Genome Res. . 10 (10), 1617-1630 (2000)
             wagi,K., Fujiwake,S., Inoue,K., Togawa,Y., Izawa,M., Ohara,E.,
            Watahiki,M., Yoneda,Y., Ishikawa,T., Ozawa,K., Tanaka,T.,
            Matsuura,S., Kawai,J., Okazaki,Y., Muramatsu,M., Inoue,Y., Kira,A.
            and Hayashizaki,Y.
             RIKEN integrated sequence analysis (RISA) system--384-format
            sequencing pipeline with 384 multicapillary sequencer. Genome Res. .
            10 (11), 1757-1771 (2000)
             Konno,H., Fukunishi,Y., Shibata,K., Itoh,M., Carninci,P.,
            Sugahara,Y. and Hayashizaki,Y.
             Computer-based methods for the mouse full-length cDNA
            encyclopedia: real-time sequence clustering for construction of a
            nonredundant cDNA library. Genome Res. . 11 (2), 281-289 (2001)
             Kondo,S., Shinagawa,A., Saito,T., Kiyosawa,H., Yamanaka,I.,
            Aizawa,K., Fukuda,S., Hara,A., Itoh,M., Kawai,J., Shibata,K. and
            Hayashizaki,Y.
             Computational Analysis of Full-Length Mouse cDNAs Compared with
            Human Genome Sequences. Mamm. Genome. 12, 673-677 (2001)
             Please visit our web site (http://genome.gsc.riken.go.jp) for
            further details.
             e mouse tissues.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .614
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="C330020G14"
                     /cell_type="ES cells"
                     /lab_host="SOLR"
                     /clone_lib="RIKEN full-length enriched, ES cells"
                     /note="Site_1: XhoI; Site_2: BamHI; cDNA library was
                     prepared and sequenced in Mouse Genome Encyclopedia
                     Project of Genome Exploration Research Group in Riken
                     Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in
                     RIKEN. Division of Experimental Animal Research in Riken
                     contributed to prepare mouse tissues. 1st strand cDNA was
                     primed with a primer [5'
                     GAGAGAGAGAAGGATCCAAGAGCTCTTTTTTTTTTTTTTTTVN 3'], cDNA was
```

```
              prepared by using trehalose thermo-activated reverse
              transcriptase and subsequently enriched for full-length by
              cap-trapper. cDNA went through one round of normalization
              to Rot = 5.0 and subtraction to Rot = 25.0. Second strand
              cDNA was prepared with the primer adapter of sequence [5'
              GAGAGAGAGATTCTCGAGTTAATTAAATTAATCCCCCCCCCCCCC 3']."
ORIGIN

  Query Match             7.2%;  Score 290.8;  DB 2;  Length 614;
  Best Local Similarity   74.7%;  Pred. No. 6.2e-50;
  Matches  378;  Conservative    0;  Mismatches  127;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy          2 CAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCCG 61
Db         61 CACCCTTGCATCTTGGTTCCCGCACGTGGGAGGCCCATCCCGGCCTTGAGCACAATGACC 120

Qy         62 CGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCTG 121
Db        121 CGCGCTCCTCGTTGCCCCGCGGTGCGCTCTCTGCTGCGCAGCCGATACCGGGAGGTGTGG 180

Qy        122 CCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGGG 181
Db        181 CCGCTGGCAACCTTTGTGCGGCGCCTGGGGCCCGAGGGCAGGCGGCTTGTGCAACCCGGG 240

Qy        182 GACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGCA 241
Db        241 GACCCGAAGATCTACCGCACTTTGGTTGCCCAATGCCTAGTGTGCATGCACTGGGGCTCA 300

Qy        242 CGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGCC 301
Db        301 CAGCCTCCACCTGCCGACCTTTCCTTCCACCAGGTGTCATCCCTGAAAGAGCTGGTGGCC 360

Qy        302 CGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGCG 361
Db        361 AGGGTTGTGCAGAGACTCTGCGAGCGCAACGAGAGAAACGTGCTGGCTTTGGCTTTGAG 420

Qy        362 CTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTAC 421
Db        421 CTGCTTAACGAGGCCAGAGGCGGGCTCCCATGGCCTTCACTAGTAGCGTGCGTAGCTAC 480

Qy        422 CTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCGC 481
Db        481 TTGCCCAACACTGTTATTGAGACCCTGCGTGTCAGTGGTGCATGGATGCTACTGTTGAGC 540

Qy        482 CGCGT-GGGCGACGACGTGCTGGTTC 506
Db        541 CGAGTGGGGCGACGACCTGCTGGGTC 566

RESULT 18
AA748707/c
LOCUS       AA748707                 315 bp    mRNA    linear   EST 18-FEB-1998
DEFINITION  ny02e05.s1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1270592 3',
            mRNA sequence.
ACCESSION   AA748707
VERSION     AA748707.1  GI:2788665
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 315)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP),
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Louis M. Staudt, M.D., Ph.D., David Allman,
            Ph.D., Gerald Marti, M.D.
             cDNA Library Preparation: M. Bento Soares, Ph.D., M. Fatima
            Bonaldo, Ph.D.
             cDNA Library Arrayed by: Greg Lennon, Ph.D.
             DNA Sequencing by: Washington University Genome Sequencing Center
             Clone distribution: NCI-CGAP clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            www-bio.llnl.gov/bbrp/image/image.html
            Insert Length: 1226   Std Error: 0.00
            Seq primer: -40m13 fwd. ET from Amersham
            High quality sequence stop: 281.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..315
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:1270592"
                     /tissue_type="germinal center B cell"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_GCB1"
                     /note="Vector: pT7T3D-Pac (Pharmacia) with a modified
                     polylinker; Site_1: Not I; Site_2: Eco RI; 1st strand cDNA
                     was prepared from human tonsillar cells enriched for
                     germinal center B cells by flow sorting (CD20+, IgD-),
                     provided by Dr. Louis M. Staudt (NCI), Dr. David Allman
                     (NCI) and Dr. Gerald Marti (CBER).  cDNA synthesis was
                     primed with a Not I - oligo(dT) primer
                     [5'-TGTTACCAATCTGAAGTGGGAGCGGCCGCCTCATTTTTTTTTTTTTTTTT-3'
                     ]. Double-stranded cDNA was ligated to Eco RI adaptors
                     (Pharmacia), digested with Not I and cloned into the Not I
                     and Eco RI sites of the modified pT7T3 vector. Library
                     went through one round of normalization, and was
                     constructed by Bento Soares and M. Fatima Bonaldo."
ORIGIN

  Query Match             7.1%;  Score 284.4;  DB 1;  Length 315;
  Best Local Similarity   96.2%;  Pred. No. 1.2e-48;
  Matches  302;  Conservative    0;  Mismatches   11;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy       3703 GCGCTCGGCTCCACCCCAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCA 3762
Db        314 GCGCTCGGCTCCACCCCAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCA 255

Qy       3763 CATAGGAATAGTCCATCCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGC 3822
Db        254 CATAGGAATAGTCCATCCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCGTGCCGTGGTTTGG 195

Qy       3823 CTTCC-ACCCCCACCATCCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATT 3881
Db        194 GGGCCGGGGCCCACCATCCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATT 135

Qy       3882 TGGAGTGACCAAAGGTGTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCC 3941
Db        134 TGGAGTGACCAAAGGTGTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCC 75

Qy       3942 CTGTGGGTCAAATTGGGGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTC 4001
Db         74 CTGTGGGTCAAATTGGGGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTC 15

Qy       4002 AGTTTTGAAAAAAA 4015
Db         14 AGTTTTGAAAAAAA 1

RESULT 19
BE371943
LOCUS       BE371943                 866 bp    mRNA    linear   EST 21-JUL-2000
DEFINITION  601217728F1 NCI_CGAP_Lu29 Mus musculus cDNA clone IMAGE:3586614 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   BE371943
VERSION     BE371943.1  GI:9317215
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 866)
```

```
AUTHORS     NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
TITLE       National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
JOURNAL     Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Gilbert Smith, Ph.D.
             cDNA Library Preparation: Life Technologies, Inc.
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Incyte Genomics, Inc.
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
            Plate: LLAM8748  row: h  column: 07
            High quality sequence stop: 639.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..866
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="CZECH II"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:3586614"
                     /tissue_type="spontaneous tumor, metastatic to mammary.
                     Stem cell origin."
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_Lu29"
                     /note="Organ: lung; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1: SalI;
                     Site_2: NotI; Cloned unidirectionally.  Primer: Oligo dT.
                     Library constructed by Life Technologies. Investigator
                     providing samples: Gilbert Smith, NIH"
ORIGIN

  Query Match             6.7%;  Score 267;  DB 2;  Length 866;
  Best Local Similarity   75.2%;  Pred. No. 6.1e-45;
  Matches  333;  Conservative    0;  Mismatches  110;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       2466 GCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGGCAAGT 2525
Db          2 GCCTGTTTGACTTCTTCCTGCACTTCCTGCGTCACAGTGTCGTAAAGATTGGTGACAGGT 61

Qy       2526 CCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTGCAGCC 2585
Db         62 GCTATACGCAGTGCCAGGGCATCCCCCAAGGCTCCAGCCTATCCACCCTGCTCTGCAGTC 121

Qy       2586 TGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTGCTCC 2645
Db        122 TGTGTTTCGGAGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCTGAGGTGCAGCAGGATGGGTTGCTTT 181

Qy       2646 TGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAACCTTCC 2705
Db        182 TACGTTTTGTTGATGACTTTCTGTTGGTGACGCCTCACTTGGACCAAGCAAAAACCTTCC 241

Qy       2706 TCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAG 2765
Db        242 TCAGCACCCTGGTCCATGGCGTTCCTGAGTATGGATGCATGATAAACTTGCAGAAGACAG 301

Qy       2766 TGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGCCGG 2825
Db        302 TGGTGAACTTCCCTGTGGAGCCTGGTGCCCTGGGTGGTGCAGCTCCATACCAGCTGCCTG 361

Qy       2826 CCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGA 2885
Db        362 CTCACTGCCTGTTTCCCTGGTGTGGTTTGCTGCTGGACACTCAGACTTTGGAGGTGTTCT 421

Qy       2886 GCGACTACTCCAGCTATGCCCGG 2908
Db        422 GTGACTACTCAGGGTAAGCACAG 444

RESULT 20
BE396925
LOCUS       BE396925                 715 bp    mRNA    linear   EST 21-JUL-2000
DEFINITION  601290610F1 NIH_MGC_8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3621050 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   BE396925
VERSION     BE396925.1  GI:9342290
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 715)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Louis M. Staudt, M.D., Ph.D.
             cDNA Library Preparation: Ling Hong/Rubin Laboratory
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Incyte Genomics, Inc.
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at: image.llnl.gov
            Plate: LLCM294  row: c  column: 03
            High quality sequence stop: 634.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..715
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:3621050"
                     /tissue_type="Burkitt lymphoma"
                     /lab_host="DH10B (phage-resistant)"
                     /clone_lib="NIH_MGC_8"
                     /note="Organ: lymph; Vector: pOTB7; Site_1: XhoI; Site_2:
                     EcoRI; cDNA made by oligo-dT priming.  Directionally
                     cloned into EcoRI/XhoI sites using the following 5'
                     adaptor: GGCACGAG(G).  Size-selected >500bp for average
                     insert size 1.8kb.  Library constructed by Ling Hong in
                     the laboratory of Gerald M. Rubin (University of
                     California, Berkeley) using  ZAP-cDNA synthesis kit
                     (Stratagene) and Superscript II RT (Life Technologies)."
ORIGIN

  Query Match             6.3%;  Score 252.2;  DB 2;  Length 715;
  Best Local Similarity   93.9%;  Pred. No. 7.3e-42;
  Matches  307;  Conservative    0;  Mismatches   13;  Indels    7;  Gaps    4;

Qy       1627 AGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTT 1686
Db        372 AGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTT 431

Qy       1687 CCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTT-TATGTCA 1745
Db        432 CCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTATATGTCA 491

Qy       1746 CGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGT 1805
Db        492 CGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGT 551

Qy       1806 TGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCT-GTCGGAA 1864
Db        552 TGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTAGTCGGAA 611

Qy       1865 GCAGAGGTCAGGCAGCATCGGG--AAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCGCT 1922
Db        612 GCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGGAAAGCCAGGCCCTGCCTGCTGACGTCCA---ACTCCG 668

Qy       1923 TCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGC 1949
Db        669 TTCATCCCAAAGCTGAAGGGCTGCGGC 695

RESULT 21
AA311750
LOCUS       AA311750                 409 bp    mRNA    linear   EST 19-APR-1997
DEFINITION  EST182469 Jurkat T-cells VI Homo sapiens cDNA 5' end, mRNA
```

```
            sequence.
ACCESSION   AA311750
VERSION     AA311750.1  GI:1964077
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 409)
  AUTHORS   Adams,M.D., Kerlavage,A.R., Fleischmann,R.D., Fuldner,R.A.,
            Bult,C.J., Lee,N.H., Kirkness,E.F., Weinstock,K.G., Gocayne,J.D.,
            White,O., Sutton,G., Blake,J.A., Brandon,R.C., Man-Wai,C.,
            Clayton,R.A., Cline,T.R., Cotton,M.D., Earle-Hughes,J., Fine,L.D.,
            Fitzgerald,L.M., Fitzhugh,W.M., Fritchman,J.L., Geoghagen,N.S.,
            Glodek,A., Gnehm,C.L., Hanna,M.C., Hedblom,E., Hinkle,P.S.Jr.,
            Kelley,J.M., Kelley,J.C., Liu,L.-I., Marmaros,S.M., Merrick,J.M.,
            Moreno-Palanques,R.F., McDonald,L.A., Nguyen,D.T., Pelligrino,S.M.,
            Phillips,C.A., Ryder,S.E., Scott,J.L., Saudek,D.M., Shirley,R.,
            Small,K.V., Spriggs,T.A., Utterback,T.R., Weidman,J.F., Li,Y.,
            Bednarik,D.P., Cao,L., Cepeda,M.A., Coleman,T.A., Collins,E.J.,
            Dimke,D., Feng,D.-F., Ferrie,A., Fischer,C., Hastings,G.A.,
            He,W.W., Hu,J.S., Greene,J.M., Gruber,J., Hudson,P., Kim,A.K.,
            Kozak,D.L., Kunsch,C., Hungjun,J., Li,H., Meissner,P.S., Olsen,H.,
            Raymond,L., Wei,Y.F., Wing,J., Xu,C., Yu,G.L., Ruben,S.M.,
            Dillion,P.J., Fannon,M.R., Rosen,C.A., Haseltine,W.A., Fields,C.,
            Fraser,C.M. and Venter,J.C.
  TITLE     Initial assessment of human gene diversity and expression patterns
            based upon 83 million nucleotides of cDNA sequence
  JOURNAL   Nature 377 (6547 Suppl), 3-174 (1995)
  MEDLINE   96026280
   PUBMED   7566098
COMMENT     Contact: Kerlavage, AR
            Bioinformatics
            The Institute for Genomic Research
            9712 Medical Center Drive, Rockville, MD 20850 USA
            Tel: 3018699056
            Fax: 3018699423
            Email: arkerlav@tigr.org
            For clone availability, additional sequence and expression
            information related to this EST, please check the TIGR Human Gene
            Index (http://www.tigr.org/tdb/hgi/hgi.html)
            Seq primer: M13 Reverse.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..409
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="ATCC (inhost):158964"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /cell_type="T-lymphocyte"
                     /clone_lib="Jurkat T-cells VI"
                     /note="Vector: pBluescript SK-; Site_1: EcoRI; Site_2:
                     XhoI"
ORIGIN

  Query Match             6.2%;  Score 249.6;  DB 1;  Length 409;
  Best Local Similarity   97.7%;  Pred. No. 2.3e-41;
  Matches  252;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       2649 GTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAACCTTCCTCA 2708
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAACCTTCCTCA 60

Qy       2709 GGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAGTGG 2768
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAGTGG 120

Qy       2769 TGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGCCGGCCC 2828
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Db        121 TGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTNTTCAGATGCCGGCCC 180

Qy       2829 ACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGCG 2888
              ||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 ACGGCNTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGCG 240

Qy       2889 ACTACTCCAGCTATGCCC 2906
              |||||||||| |  || |
Db        241 ACTACTCCAGGTGAGCGC 258


RESULT 22
BE396606
LOCUS       BE396606                 679 bp    mRNA    linear   EST 21-JUL-2000
DEFINITION  601289077F1 NIH_MGC_8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3619674 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   BE396606
VERSION     BE396606.1  GI:9341882
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 679)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Louis M. Staudt, M.D., Ph.D.
             cDNA Library Preparation: Ling Hong/Rubin Laboratory
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Incyte Genomics, Inc.
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at: image.llnl.gov
            Plate: LLCM290  row: i  column: 19
            High quality sequence start: 2
            High quality sequence stop: 656.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..679
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:3619674"
                     /tissue_type="Burkitt lymphoma"
                     /lab_host="DH10B (phage-resistant)"
                     /clone_lib="NIH_MGC_8"
                     /note="Organ: lymph; Vector: pOTB7; Site_1: XhoI; Site_2:
                     EcoRI; cDNA made by oligo-dT priming.  Directionally
                     cloned into EcoRI/XhoI sites using the following 5'
                     adaptor: GGCACGAG(G).  Size-selected >500bp for average
                     insert size 1.8kb.  Library constructed by Ling Hong in
                     the laboratory of Gerald M. Rubin (University of
                     California, Berkeley) using  ZAP-cDNA synthesis kit
                     (Stratagene) and Superscript II RT (Life Technologies)."
ORIGIN

  Query Match             6.2%;  Score 248.8;  DB 2;  Length 679;
  Best Local Similarity   96.8%;  Pred. No. 3.7e-41;
  Matches  275;  Conservative    0;  Mismatches    7;  Indels    2;  Gaps    2;

Qy       1627 AGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCC-GCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGT 1685
              |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        371 AGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCTGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGT 430

Qy       1686 TCCTGCACTG-GCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTC 1744
              |||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        431 TCCTGCACTGTGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTC 490

Qy       1745 ACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAG 1804
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        491 ACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAG 550

Qy       1805 TTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAA 1864
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        551 TTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAA 610

Qy       1865 GCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGAC 1908
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||   |  ||   | |
Db          611 GCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCGCCTGTGACGTC 654

RESULT 23
BE514070
LOCUS       BE514070                 649 bp    mRNA    linear   EST 07-AUG-2000
DEFINITION  601316575F1 NIH_MGC_8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3634962 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   BE514070
VERSION     BE514070.1  GI:9721282
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 649)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Louis M. Staudt, M.D., Ph.D.
             cDNA Library Preparation: Ling Hong/Rubin Laboratory
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Incyte Genomics, Inc.
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at: image.llnl.gov
            Plate: LLCM330  row: f  column: 19
            High quality sequence stop: 628.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .649
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:3634962"
                     /tissue_type="Burkitt lymphoma"
                     /lab_host="DH10B (phage-resistant)"
                     /clone_lib="NIH_MGC_8"
                     /note="Organ: lymph; Vector: pOTB7; Site_1: XhoI; Site_2:
                     EcoRI; cDNA made by oligo-dT priming.  Directionally
                     cloned into EcoRI/XhoI sites using the following 5'
                     adaptor: GGCACGAG(G).  Size-selected >500bp for average
                     insert size 1.8kb.  Library constructed by Ling Hong in
                     the laboratory of Gerald M. Rubin (University of
                     California, Berkeley) using  ZAP-cDNA synthesis kit
                     (Stratagene) and Superscript II RT (Life Technologies)."
ORIGIN

  Query Match             6.1%;  Score 243.2;  DB 2;  Length 649;
  Best Local Similarity   98.2%;  Pred. No. 5.4e-40;
  Matches  267;  Conservative    0;  Mismatches    3;  Indels    2;  Gaps    2;

Qy         1627 AGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTT 1686
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          367 AGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTT 426

Qy         1687 CCTGC-ACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCA 1745
                ||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          427 CCTGCAACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCA 486

Qy         1746 CGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTT-CTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAG 1804
                |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Db          487 CGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTACTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAG 546

Qy         1805 TTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAA 1864
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          547 TTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAA 606

Qy         1865 GCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCC 1896
                ||||||||||||||||||||||||   | ||
Db          607 GCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCAGGCCC 638
```

```
RESULT 24
BE514188
LOCUS       BE514188                 610 bp    mRNA    linear   EST 07-AUG-2000
DEFINITION  601316376F1 NIH_MGC_8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3634987 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   BE514188
VERSION     BE514188.1  GI:9721400
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 610)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Louis M. Staudt, M.D., Ph.D.
             cDNA Library Preparation: Ling Hong/Rubin Laboratory
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Incyte Genomics, Inc.
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at: image.llnl.gov
            Plate: LLCM330  row: g  column: 20
            High quality sequence stop: 610.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .610
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:3634987"
                     /tissue_type="Burkitt lymphoma"
                     /lab_host="DH10B (phage-resistant)"
                     /clone_lib="NIH_MGC_8"
                     /note="Organ: lymph; Vector: pOTB7; Site_1: XhoI; Site_2:
                     EcoRI; cDNA made by oligo-dT priming.  Directionally
                     cloned into EcoRI/XhoI sites using the following 5'
                     adaptor: GGCACGAG(G).  Size-selected >500bp for average
                     insert size 1.8kb.  Library constructed by Ling Hong in
                     the laboratory of Gerald M. Rubin (University of
                     California, Berkeley) using  ZAP-cDNA synthesis kit
                     (Stratagene) and Superscript II RT (Life Technologies)."
ORIGIN

  Query Match             6.1%;  Score 243;  DB 2;  Length 610;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 5.9e-40;
  Matches  243;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy         1627 AGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTT 1686
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          368 AGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTT 427

Qy         1687 CCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCAC 1746
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          428 CCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCAC 487

Qy         1747 GGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTT 1806
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          488 GGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTT 547

Qy         1807 GCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGC 1866
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          548 GCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGC 607

Qy         1867 AGA 1869
                |||
Db          608 AGA 610

RESULT 25
CF531258
```

```
LOCUS       CF531258                 344 bp    mRNA    linear   EST 12-SEP-2003
DEFINITION  UI-M-FY0-cgp-h-01-0-UI.r1 NIH_BMAP_FY0 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:30355848 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CF531258
VERSION     CF531258.1  GI:34583222
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 344)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Dr. Jim Lin, University of Iowa
             cDNA Library preparation: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             cDNA Library Arrayed by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             DNA Sequencing by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             Clone Distribution: Distribution information can be found at
            http://genome.uiowa.edu/distribution/mousefl.html
             This clone was contributed by the Brain Molecular Anatomy Project
            (BMAP).
            Seq primer: pYX-5.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .344
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:30355848"
                     /tissue_type="whole brain"
                     /dev_stage="embryo 13.5,14.5,16.5,17.5dpc"
                     /lab_host="DH10B (T1 phage resistant)"
                     /clone_lib="NIH_BMAP_FY0"
                     /note="Organ: Brain; Vector: pYX- Asc; Site_1: EcoR I;
                     Site_2: Not I; The library was constructed according
                     Bonaldo, Lennon and Soares, Genome Research, 6:791-806,
                     1996. Denatured RNA was size fractionated on a 1% agarose
                     gel. First strand cDNA synthesis was primed with oligo-dT
                     primer containing a Not I site. Double strand cDNA was
                     size selected according to mRNA size fraction, ligated
                     with EcoR I adaptor, digested with NotI and then cloned
                     directionally into pYX-Asc vector. The library tag
                     sequence located between the Not I site and the polyA tail
                     is AGCGAGACAG. This library was created for the University
                     Iowa Brain Anatomy Project (BMAP): 'Gene Discovery in the
                     Developing Mouse Nervous System', supported by National
                     Institute of Mental Health (NIMH), Hemin Chin, Ph.D.,
                     program coordinator."
ORIGIN

  Query Match             5.3%;  Score 214;  DB 7;  Length 344;
  Best Local Similarity   76.2%;  Pred. No. 6.2e-34;
  Matches  262;  Conservative    0;  Mismatches   82;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       2765 GTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTGTTCAGATGCCG 2824
Db          1 GTGGTGAACTTCCCTGTGGAGCCTGGTACCCTGGGTGGTGCAGCTCCATACCAGCTGCCT 60

Qy       2825 GCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAG 2884
Db         61 GCTCACTGCCTGTTTCCCTGGTGTGGCTTGCTGCTGGACACTCAGACTTTGGAGGTGTTC 120

Qy       2885 AGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGC 2944
Db        121 TGTGACTACTCAGGTTATGCCCAGACCTCAATTAAGACGAGCCTCACCTTCCAGAGTGTC 180

Qy       2945 TTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCAC 3004
Db        181 TTCAAAGCTGGGAAGACCATGCGGAACAAGCTCCTGTCGGTCTTGCGGTTGAAGTGTCAC 240

Qy       3005 AGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAG 3064
Db        241 GGTCTATTTCTAGACTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACAGTCTGCATCANTATATACANG 300

Qy       3065 ATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCA 3108
Db        301 ATCTTCCTGCTTCAGGCCTACAGGTTCCATGCATGTGTGATTCA 344


RESULT 26
BE268183
LOCUS       BE268183                 779 bp    mRNA    linear   EST 13-JUL-2000
DEFINITION  601125261F1 NIH_MGC_8 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:3345111 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   BE268183
VERSION     BE268183.1  GI:9141784
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 779)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Louis M. Staudt, M.D., Ph.D.
             cDNA Library Preparation: Ling Hong/Rubin Laboratory
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Incyte Genomics, Inc.
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at: image.llnl.gov
            Plate: LLCM132  row: i  column: 16
            High quality sequence stop: 535.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .779
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:3345111"
                     /tissue_type="Burkitt lymphoma"
                     /lab_host="DH10B (phage-resistant)"
                     /clone_lib="NIH_MGC_8"
                     /note="Organ: lymph; Vector: pOTB7; Site_1: XhoI; Site_2:
                     EcoRI; cDNA made by oligo-dT priming.  Directionally
                     cloned into EcoRI/XhoI sites using the following 5'
                     adaptor: GGCACGAG(G).  Size-selected >500bp for average
                     insert size 1.8kb.  Library constructed by Ling Hong in
                     the laboratory of Gerald M. Rubin (University of
                     California, Berkeley) using  ZAP-cDNA synthesis kit
                     (Stratagene) and Superscript II RT (Life Technologies)."
ORIGIN

  Query Match             5.2%;  Score 208.6;  DB 2;  Length 779;
  Best Local Similarity   86.8%;  Pred. No. 9.4e-33;
  Matches  289;  Conservative    0;  Mismatches   34;  Indels   10;  Gaps    5;

Qy       1627 AGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTT 1686
Db        365 AGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTT 424

Qy       1687 CCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCAC 1746
Db        425 CCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCAC 484

Qy       1747 GGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCT-GGAGCAAGT 1805
Db        485 GGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGGAGCAAGT 544

Qy       1806 TGCAAAGCA-TTGGAATCAGACAGCACTT--GAAGAGGGTGC-----AGCTGCGGGAGCT 1857
Db        545 TGCGAAGCATTTGGAATCAGACAGCACTTTGGAAGAGGGTGCTCGCTTGCCGGGAACTTG 604
```

```
Qy       1858 GTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGT-CCAGAC 1916
              || ||||||    |  | ||| || ||||||||||| ||||  ||| ||    || || ||| ||
Db        605 GTTGGAAGCGAGGTCCGGGCGGCTTCGGGAAGCCTGGCCGGCCGTGTGGAGGTGCCAAAC 664

Qy       1917 TCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGC 1949
              || |  ||||||||||  ||||  || ||| |  |
Db        665 TCGGTTTCATCCCCAAAGCTGAGGGTCTGGGCC 697


RESULT 27
BY775178
LOCUS       BY775178                 336 bp    mRNA    linear   EST 23-MAR-2004
DEFINITION  BY775178 RIKEN full-length enriched, 17.5 days embryo whole body
            Mus musculus cDNA clone L930091N09 5', mRNA sequence.
ACCESSION   BY775178
VERSION     BY775178.1  GI:39701816
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 336)
  AUTHORS   Carninci,P., Waki,K., Shiraki,T., Konno,H., Shibata,K., Itoh,M.,
            Aizawa,K., Arakawa,T., Ishii,Y., Sasaki,D., Bono,H., Kondo,S.,
            Sugahara,Y., Saito,R., Osato,N., Fukuda,S., Sato,K., Watahiki,A.,
            Hirozane-Kishikawa,T., Nakamura,M., Shibata,Y., Yasunishi,A.,
            Kikuchi,N., Yoshiki,A., Kusakabe,M., Gustincich,S., Beisel,K.,
            Pavan,W., Aidinis,V., Nakagawara,A., Held,W.A., Iwata,H., Kono,T.,
            Nakauchi,H., Lyons,P., Wells,C., Hume,D.A., Fagiolini,M.,
            Hensch,T.K., Brinkmeier,M., Camper,S., Hirota,J., Mombaerts,P.,
            Muramatsu,M., Okazaki,Y., Kawai,J. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Targeting a complex transcriptome: the construction of the mouse
            full-length cDNA encyclopedia
  JOURNAL   Genome Res. 13 (6B), 1273-1289 (2003)
   MEDLINE  22703353
   PUBMED   12819125
COMMENT     Contact: Yoshihide Hayashizaki
            Laboratory for Genome Exploration Research Group, RIKEN Genomic
            Sciences Center(GSC), Yokohama Institute
            The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN)
            1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa 230-0045, Japan
            Tel: 81-45-503-9222
            Fax: 81-45-503-9216
            Email: genome-res@gsc.riken.jp, URL:http://genome.gsc.riken.jp/
            cDNA library was prepared and sequenced in Mouse Genome
            Encyclopedia Project of Genome Exploration Research Group in Riken
            Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in RIKEN.
             Division of Experimental Animal Research in Riken contributed to
            prepare mouse tissues.
             Please visit our web site (http://genome.gsc.riken.jp/) for
            further details.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..336
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="L930091N09"
                     /tissue_type="whole body"
                     /dev_stage="17.5 days embryo"
                     /clone_lib="RIKEN full-length enriched, 17.5 days embryo
                     whole body"
ORIGIN

  Query Match             5.1%;  Score 203.8;  DB 6;  Length 336;
  Best Local Similarity   77.2%;  Pred. No. 8.3e-32;
  Matches  247;  Conservative    0;  Mismatches   73;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        254 GCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGCCCCGAGTGCTGCAG 313
              ||||  ||  |||||||  ||||||||| | ||||||  |||||||||||| | ||  |||||
Db          2 GCCGACCTTTCCTTCCACCAGGTGTCATCCCTGAAAGAGCTGGTGGCCAGGGTTGTGCAG 61

Qy        314 AGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGCGCTGCTGGACGGG 373
              || || ||  |||||   ||  ||   |||||||||| ||  |||||  |  ||||||  ||| |
Db         62 AGACTCTGNGAGCGCAACGAGAGAAACGTGCTGGCTTTGGCTTTGAGCTGCTTAACGAG 121

Qy        374 GCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTACCTGCCCAACACG 433
              ||| |  || || ||  |||   ||||||||| || ||||||| ||||||  |||||||||
Db        122 GCCAGAGGCGGGCCTCCCATGGCCTTCACTACTAGCGTGCGTAGCTACTTGCCCAACACT 181

Qy        434 GTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCGCCGCGTGGGCGAC 493
              || |   ||   | |||||  |    || || || ||| ||| ||| ||  |||| ||||||||
Db        182 GTTATTGAGACCCTGCGTGTCAGTGGTGCATGGATGCTACTGTTGAGCCGAGTGGGCGAC 241

Qy        494 GACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGTGGCTCCCAGCTGC 553
              ||| |||||||  ||||||||||| ||| || || |  |  |  |||||| | ||||||||
Db        242 GACCTGCTGGTCTACCTGCTGGCACACTGTGCTCTTTATCTTCTGGTGCCCCCCAGCTGT 301

Qy        554 GCCTACCAGGTGTGCGGGCC 573
              ||||||||||  |  |   ||||
Db        302 GCCTACCAGGGGAGATGGCC 321


RESULT 28
BY783093
LOCUS       BY783093                 343 bp    mRNA    linear   EST 23-MAR-2004
DEFINITION  BY783093 RIKEN full-length enriched, 17.5 days embryo whole body
            Mus musculus cDNA clone L930172A03 5', mRNA sequence.
ACCESSION   BY783093
VERSION     BY783093.1  GI:39709732
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 343)
  AUTHORS   Carninci,P., Waki,K., Shiraki,T., Konno,H., Shibata,K., Itoh,M.,
            Aizawa,K., Arakawa,T., Ishii,Y., Sasaki,D., Bono,H., Kondo,S.,
            Sugahara,Y., Saito,R., Osato,N., Fukuda,S., Sato,K., Watahiki,A.,
            Hirozane-Kishikawa,T., Nakamura,M., Shibata,Y., Yasunishi,A.,
            Kikuchi,N., Yoshiki,A., Kusakabe,M., Gustincich,S., Beisel,K.,
            Pavan,W., Aidinis,V., Nakagawara,A., Held,W.A., Iwata,H., Kono,T.,
            Nakauchi,H., Lyons,P., Wells,C., Hume,D.A., Fagiolini,M.,
            Hensch,T.K., Brinkmeier,M., Camper,S., Hirota,J., Mombaerts,P.,
            Muramatsu,M., Okazaki,Y., Kawai,J. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Targeting a complex transcriptome: the construction of the mouse
            full-length cDNA encyclopedia
  JOURNAL   Genome Res. 13 (6B), 1273-1289 (2003)
   MEDLINE  22703353
   PUBMED   12819125
COMMENT     Contact: Yoshihide Hayashizaki
            Laboratory for Genome Exploration Research Group, RIKEN Genomic
            Sciences Center(GSC), Yokohama Institute
            The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN)
            1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa 230-0045, Japan
            Tel: 81-45-503-9222
            Fax: 81-45-503-9216
            Email: genome-res@gsc.riken.jp, URL:http://genome.gsc.riken.jp/
            cDNA library was prepared and sequenced in Mouse Genome
            Encyclopedia Project of Genome Exploration Research Group in Riken
            Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in RIKEN.
             Division of Experimental Animal Research in Riken contributed to
            prepare mouse tissues.
             Please visit our web site (http://genome.gsc.riken.jp/) for
            further details.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..343
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="L930172A03"
                     /tissue_type="whole body"
                     /dev_stage="17.5 days embryo"
                     /clone_lib="RIKEN full-length enriched, 17.5 days embryo
```

```
                 whole body"
ORIGIN

  Query Match             5.1%;  Score 203.2;  DB 6;  Length 343;
  Best Local Similarity   77.2%;  Pred. No. 1.1e-31;
  Matches  247;  Conservative    0;  Mismatches   73;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        254 GCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGCCCGAGTGCTGCAG 313
              |||| ||  ||||||| |||||||| | |||||| ||||||||||| | ||  |||||
Db          2 GCCGACCTTTCCTTCCACCAGGTGTCATCCCTGAAAGAGCTGGTGGCCAGGGTTGTGCAG 61

Qy        314 AGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGCGCTGCTGGACGGG 373
              || || |||||||||  || ||  ||||||||||| || ||||| | |||||| .||| |
Db         62 AGACTCTGCGAGCGCAACGAGAGAAACGTGCTGGCTTTTGGCTTTGAGCTGCTTAACGAG 121

Qy        374 GCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTACCTGCCCAACACG 433
              ||| | || || || |||  ||||||||| |  |||||||| |||||| |||||||||
Db        122 GCCAGAGGCGGGCCTCCCATGGCCTTCACTAGTAGCGTGCGTAGCTACTTGCCCAACACT 181

Qy        434 GTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCGCCGCGTGGGCGAC 493
              || |  ||  | ||||| |  || || || |||  ||| ||| || |||| ||||||||
Db        182 GTTATTGAGACCCTGCGTGTCAGTGGTGCATGGATGCTACTGTTGAGCCGAGTGGGCGAC 241

Qy        494 GACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGTGGCTCCCAGCTGC 553
              ||| |||||||  |||||||||||| ||| || || | | |||||| | ||||||||
Db        242 GACCTGCTGGTCTACCTGCTGGCACACTGTGCTCTTTATCTTCTGGTGCCCCCCAGCTGT 301

Qy        554 GCCTACCAGGTGTGCGGGCC 573
              |||||||||| | | ||||
Db        302 GCCTACCAGGGGAGATGGCC 321
```

```
RESULT 29
BY784804
LOCUS       BY784804                 338 bp    mRNA    linear   EST 23-MAR-2004
DEFINITION  BY784804 RIKEN full-length enriched, 17.5 days embryo whole body
            Mus musculus cDNA clone L930188J05 5', mRNA sequence.
ACCESSION   BY784804
VERSION     BY784804.1  GI:39711443
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 338)
  AUTHORS   Carninci,P., Waki,K., Shiraki,T., Konno,H., Shibata,K., Itoh,M.,
            Aizawa,K., Arakawa,T., Ishii,Y., Sasaki,D., Bono,H., Kondo,S.,
            Sugahara,Y., Saito,R., Osato,N., Fukuda,S., Sato,K., Watahiki,A.,
            Hirozane-Kishikawa,T., Nakamura,M., Shibata,Y., Yasunishi,A.,
            Kikuchi,N., Yoshiki,A., Kusakabe,M., Gustincich,S., Beisel,K.,
            Pavan,W., Aidinis,V., Nakagawara,A., Held,W.A., Iwata,H., Kono,T.,
            Nakauchi,H., Lyons,P., Wells,C., Hume,D.A., Fagiolini,M.,
            Hensch,T.K., Brinkmeier,M., Camper,S., Hirota,J., Mombaerts,P.,
            Muramatsu,M., Okazaki,Y., Kawai,J. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Targeting a complex transcriptome: the construction of the mouse
            full-length cDNA encyclopedia
  JOURNAL   Genome Res. 13 (6B), 1273-1289 (2003)
  MEDLINE   22703353
   PUBMED   12819125
COMMENT     Contact: Yoshihide Hayashizaki
            Laboratory for Genome Exploration Research Group, RIKEN Genomic
            Sciences Center(GSC), Yokohama Institute
            The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN)
            1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa 230-0045, Japan
            Tel: 81-45-503-9222
            Fax: 81-45-503-9216
            Email: genome-res@gsc.riken.jp, URL:http://genome.gsc.riken.jp/
            cDNA library was prepared and sequenced in Mouse Genome
            Encyclopedia Project of Genome Exploration Research Group in Riken
            Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in RIKEN.
             Division of Experimental Animal Research in Riken contributed to
            prepare mouse tissues.
             Please visit our web site (http://genome.gsc.riken.jp/) for
            further details.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .338
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="L930188J05"
                     /tissue_type="whole body"
                     /dev_stage="17.5 days embryo"
                     /clone_lib="RIKEN full-length enriched, 17.5 days embryo
                     whole body"
ORIGIN

  Query Match             5.0%;  Score 200.6;  DB 6;  Length 338;
  Best Local Similarity   76.6%;  Pred. No. 3.9e-31;
  Matches  245;  Conservative    0;  Mismatches   75;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        254 GCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGCCCGAGTGCTGCAG 313
              |||| ||  ||||||| |||||||| | |||||| ||||||||||| | ||  |||||
Db          2 GCCGACCTTTCCTTCCACCAGGTGTCATCCCTGAAAGAGCTGGTGGCCAGGGTTGTGCAG 61

Qy        314 AGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGCGCTGCTGGACGGG 373
              || || |||||||||  || ||  ||||||||||| || ||||| | ||||  ||| |
Db         62 AGACTCTGCGAGCGCAACGAGAGAAACGTGCTGGCTTTTGGCTTTGAGCTGGTTAACGAG 121

Qy        374 GCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTACCTGCCCAACACG 433
              ||| | || || || |||  ||||||||| |  |||||||| |||||| |||||||||
Db        122 GCCAGAGGCGGGCCTCCCATGGCCTTCACTAGTAGCGTGCGTAGCTACTTGCCCAACACT 181

Qy        434 GTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCGCCGCGTGGGCGAC 493
              || |  ||  | ||||| |  || || || |||  ||| ||| || |||| ||||||||
Db        182 GTTATTGAGACCCTGCGTGTCAGTGGTGCATGGATGCTACTGTTGAGCCGAGTGGGCGAC 241

Qy        494 GACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGTGGCTCCCAGCTGC 553
              ||| |||||||  |||||||||||| ||| || || | | |||||| | ||||||||
Db        242 GACCTGCTGGTCTACCTGCTGGCACACTGTGCTCTTTATCTTCTGGTGCCCCCCAGCTGT 301

Qy        554 GCCTACCAGGTGTGCGGGCC 573
              |||||||||| | |  || |
Db        302 GCCTACCAGGGGAGATGGNC 321
```

```
RESULT 30
BY149368
LOCUS       BY149368                 326 bp    mRNA    linear   EST 10-DEC-2002
DEFINITION  BY149368 RIKEN full-length enriched, 17.5 days embryo whole body
            Mus musculus cDNA clone L930261L24 5', mRNA sequence.
ACCESSION   BY149368
VERSION     BY149368.1  GI:26285897
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 326)
  AUTHORS   Okazaki,Y., Furuno,M., Kasukawa,T., Adachi,J., Bono,H., Kondo,S.,
            Nikaido,I., Osato,N., Saito,R., Suzuki,H., Yamanaka,I.,
            Kiyosawa,H., Yagi,K., Tomaru,Y., Hasegawa,Y., Nogami,A.,
            Schonbach,C., Gojobori,T., Baldarelli,R., Hill,D.P., Bult,C.,
            Hume,D.A., Quackenbush,J., Schriml,L.M., Kanapin,A., Matsuda,H.,
            Batalov,S., Beisel,K.W., Blake,J.A., Bradt,D., Brusic,V.,
            Chothia,C., Corbani,L.E., Cousins,S., Dalla,E., Dragani,T.A.,
            Fletcher,C.F., Forrest,A., Frazer,K.S., Gaasterland,T.,
            Gariboldi,M., Gissi,C., Godzik,A., Gough,J., Grimmond,S.,
            Gustincich,S., Hirokawa,N., Jackson,I.J., Jarvis,E.D., Kanai,A.,
            Kawaji,H., Kawasawa,Y., Kedzierski,R.M., King,B.L., Konagaya,A.,
            Kurochkin,I.V., Lee,Y., Lenhard,B., Lyons,P.A., Maglott,D.R.,
            Maltais,L., Marchionni,L., McKenzie,L., Miki,H., Nagashima,T.,
            Numata,K., Okido,T., Pavan,W.J., Pertea,G., Pesole,G.,
            Petrovsky,N., Pillai,R., Pontius,J.U., Qi,D., Ramachandran,S.,
            Ravasi,T., Reed,J.C., Reed,D.J., Reid,J., Ring,B.Z., Ringwald,M.,
            Sandelin,A., Schneider,C., Semple,C.A., Setou,M., Shimada,K.,
```

```
            Sultana,R., Takenaka,Y., Taylor,M.S., Teasdale,R.D., Tomita,M.,
            Verardo,R., Wagner,L., Wahlestedt,C., Wang,Y., Watanabe,Y.,
            Wells,C., Wilming,L.G., Wynshaw-Boris,A., Yanagisawa,M., Yang,I.,
            Yang,L., Yuan,Z., Zavolan,M., Zhu,Y., Zimmer,A., Carninci,P.,
            Hayatsu,N., Hirozane-Kishikawa,T., Konno,H., Nakamura,M.,
            Sakazume,N., Sato,K., Shiraki,T., Waki,K., Kawai,J., Aizawa,K.,
            Arakawa,T., Fukuda,S., Hara,A., Hashizume,W., Imotani,K., Ishii,Y.,
            Itoh,M., Kagawa,I., Miyazaki,A., Sakai,K., Sasaki,D., Shibata,K.,
            Shinagawa,A., Yasunishi,A., Yoshino,M., Waterston,R., Lander,E.S.,
            Rogers,J., Birney,E. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Analysis of the mouse transcriptome based on functional annotation
            of 60,770 full-length cDNAs
  JOURNAL   Nature 420, 563-573 (2002)
  MEDLINE   22354683
   PUBMED   12466851
COMMENT     Contact: Yoshihide Hayashizaki
            Laboratory for Genome Exploration Research Group, RIKEN Genomic
            Sciences Center(GSC), Yokohama Institute
            The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN)
            1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa 230-0045, Japan
            Tel: 81-45-503-9222
            Fax: 81-45-503-9216
            Email: genome-res@gsc.riken.jp, URL:http://genome.gsc.riken.jp/
            Aizawa,K., Akimura,T., Arakawa,T., Carninci,P., Fukuda,S.,
            Hirozane,T., Imotani,K., Ishii,Y., Itoh,M., Kawai,J., Konno,H.,
            Miyazaki,A., Murata,M., Nakamura,M., Nomura,K., Numazaki,R.,
            Ohno,M., Sakai,K., Sakazume,N., Sasaki,D., Sato,K., Shibata,K.,
            Shiraki,T., Tagami,M., Waki,K., Watahiki,A., Muramatsu,M. and
            Hayashizaki,Y. Direct Submission
             Computational Analysis of Full-Length Mouse cDNAs Compared with
            Human Genome Sequences Mamm. Genome. 12, 673-677 (2001)
             Normalization and subtraction of cap-trapper-selected cDNAs to
            prepare full-length cDNA libraries for rapid discovery of new
            genes. Genome Res. 10 (10), 1617-1630 (2000)
             RIKEN integrated sequence analysis (RISA) system--384-format
            sequencing pipeline with 384 multicapillary sequencer. Genome Res.
            10 (11), 1757-1771 (2000)
             Computer-based methods for the mouse full-length cDNA
            encyclopedia: real-time sequence clustering for construction of a
            nonredundant cDNA library. Genome Res. 11 (2), 281-289 (2001)
             cDNA library was prepared and sequenced in Mouse Genome
            Encyclopedia Project of Genome Exploration Research Group in Riken
            Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in RIKEN.
            Division of Experimental Animal Research in Riken contributed to
            prepare mouse tissues.
             Please visit our web site (http://genome.gsc.riken.go.jp) for
            further details.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..326
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="L930261L24"
                     /tissue_type="whole body"
                     /dev_stage="17.5 days embryo"
                     /clone_lib="RIKEN full-length enriched, 17.5 days embryo
                     whole body"
ORIGIN

  Query Match             4.8%;  Score 192.2;  DB 5;  Length 326;
  Best Local Similarity   76.9%;  Pred. No. 2.2e-29;
  Matches  247;  Conservative    0;  Mismatches   73;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy        254 GCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGCCCGAGTGCTGCAG 313
              |||| ||  ||||||| |||||||| | |||||| |||||||||||| | ||  |||||
Db          2 GCCGACCTTTCCTTCCACCAGGTGTCATCCCTGAAAGAGCTGGTGGCCAGGGTTGTGCAG 61

Qy        314 AGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGCGCTGCTGGACGGG 373
              || || |||||||||  || ||  ||||||||||| || |||||  | ||||||  ||| |
Db         62 AGACTCTGCGAGCGCAACGAGAGAAACGTGCTGGCTTTTGGCTTTGAGCTGCTTAACGAG 121

Qy        374 GCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTACCTG-CCCAACAC 432
              ||| | || || || |||  ||||||||| |  |||||||| |||||| || ||||||||
Db        122 GCCAGAGGCGGGCCTCCCATGGCCTTCACTAGTAGCGTGCGTAGCTACTTGCCCCAACAC 181

Qy        433 GGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCGCCGCGTGGGCGA 492
               || |  ||  | ||||| |  || || || ||| ||| ||| || |||| ||||||||
Db        182 TGTTATTGAGACCCTGCGTGTCAGTGGTGCATGGATGCTACTGTTGAGCCGAGTGGGCGA 241

Qy        493 CGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGTGGCTCCCAGCTG 552
               |||| ||||||| |||||||||| ||| ||  | | | |  |||||| |  ||||||||
Db        242 CGACCTGCTGGTCTACCTGCTGGCACACTGTGCTCTTTATCTTCTGGTGCCCCCCAGCTG 301

Qy        553 CGCCTACCAGGTGTGCGGGCC 573
               ||||||||| | |  ||||
Db        302 TGCCTACCAGGGGAGATGGCC 322


RESULT 31
BU452535
LOCUS       BU452535                 753 bp    mRNA    linear   EST 29-NOV-2002
DEFINITION  603767927F1 CSEQRBN14 Gallus gallus cDNA clone ChEST696f7 5', mRNA
            sequence.
ACCESSION   BU452535
VERSION     BU452535.1  GI:25941846
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Gallus gallus (chicken)
  ORGANISM  Gallus gallus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Archosauria; Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae;
            Phasianinae; Gallus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 753)
  AUTHORS   Boardman,P.E., Sanz-Ezquerro,J., Overton,I.M., Burt,D.W., Bosch,E.,
            Fong,W.T., Tickle,C., Brown,W.R.A., Wilson,S.A. and Hubbard,S.J.
  TITLE     A Comprehensive Collection of Chicken cDNAs
  JOURNAL   Curr. Biol. 12 (22), 1965-1969 (2002)
  MEDLINE   22335534
   PUBMED   12445392
COMMENT     Contact: Simon Hubbard
            Department of Biomolecular Sciences
            University of Manchester Institute of Science and Technology
            (UMIST)
            PO Box 88, Manchester, M60 1QD, UK
            Tel: 01612008930
            Fax: 01612360409
            Email: Simon.Hubbard@umist.ac.uk.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..753
                     /organism="Gallus gallus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="Layer"
                     /db_xref="taxon:9031"
                     /clone="ChEST696f7"
                     /sex="Female"
                     /dev_stage="adult"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="CSEQRBN14"
                     /note="Organ: ovary; Vector: pBluescript II KS(+); Site_1:
                     EcoRI; Site_2: NotI; This normalized library was
                     constructed from 1 million independent clones. cDNA
                     synthesis was initiated using an oligo(dT) primer, using
                     methylated C in the first strand synthesis reaction.
                     Following this first strand reaction, double-stranded cDNA
                     was blunted, ligated to NotI adapters, digested with
                     EcoRI, size-selected, and cloned into the NotI and EcoRI
                     compatible sites of a custom modified MCS of the
                     pBluescript (KS+) vector. The library was normalized in 2
                     rounds using conditions adapted from Soares et al., PNAS
                     (1994) 91: 9228-9232 and Bonaldo et al., Genome Research 6
                     (1996): 791, except that a significantly longer
                     reannealing hybridization was used."
ORIGIN

  Query Match             4.7%;  Score 189.2;  DB 5;  Length 753;
  Best Local Similarity   61.2%;  Pred. No. 1.1e-28;
```

```
Matches  305;  Conservative    0;  Mismatches  193;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       2960 AACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGAT 3019
Db          8 AACATGAAATGCAAATTGACTGCAGTCCTCAAACTGAAATGCCATCCTTTACTTCTTGAC 67

Qy       3020 TTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAG 3079
Db         68 TTAAAGATCAACAGCCTTCAGACAGTTCTAATTAACATCTACAAGATATTTTTACTTCAG 127

Qy       3080 GCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAAC 3139
Db        128 GCTTACAGGTTCCATGCCTGTGTTCTTCAGCTTCCATTCAACCAGAAAGTTAGGAATAAT 187

Qy       3140 CCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAA 3199
Db        188 CCTGATTTCTTCCTAAGGATCATCTCTGATACTGCTTCATGCTGCTATTTTATCCTGAAA 247

Qy       3200 GCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAG 3259
Db        248 GCTAAAAATCCAGGAGTTTCTTTAGGTAGCAAAGATGCATCTGGTATGTTCCCTTTTGAG 307

Qy       3260 GCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCTGACTCGACACCGTGTCACC 3319
Db        308 GCAGCAGAATGGCTGTGCTACCATGCCTTCATTGTCAAACTGTCCAACCACAAAGTTATT 367

Qy       3320 TACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCG 3379
Db        368 TACAAATGCTTACTTAAGCCCCTTAAAGTCTATAAGATGCATCTGTTTGGGAAGATCCCA 427

Qy       3380 GGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAG 3439
Db        428 AGGGATACTATGGAACTGCTGAAGACGGTGACGGAACCATCGCTTTGTCAAGATTTCAAA 487

Qy       3440 ACCATCCTGGACTGATGG 3457
Db        488 ACTATACTGGACTAAGGG 505
```

RESULT 32
CR688161

```
LOCUS       CR688161                1424 bp    mRNA    linear   HTC 12-AUG-2004
DEFINITION  Tetraodon nigroviridis full-length cDNA.
ACCESSION   CR688161
VERSION     CR688161.1  GI:51186068
KEYWORDS    HTC; cDNA; full-length; Tetraodon nigroviridis.
SOURCE      Tetraodon
  ORGANISM  Tetraodon
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Euteleostei; Neoteleostei;
            Acanthomorpha; Acanthopterygii; Percomorpha; Tetraodontiformes;
            Tetradontoidea; Tetraodontidae.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1424)
  AUTHORS   Genoscope.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (10-AUG-2004) Genoscope - Centre National de Sequencage -
            : 2 rue Gaston Cremieux, CP 5706 - 91057 EVRY cedex - FRANCE
            (E-mail : seqref@genoscope.cns.fr - Web : www.genoscope.cns.fr)
COMMENT     The sequences are based on single pass reads.
            More information available at
            http://www.genoscope.cns.fr/tetraodon.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..1424
                     /organism="Tetraodon"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:47144"
                     /tissue_type="Eyes"
ORIGIN

  Query Match             4.7%;  Score 186.8;  DB 3;  Length 1424;
  Best Local Similarity   57.5%;  Pred. No. 3.7e-28;
  Matches  377;  Conservative    0;  Mismatches  272;  Indels    7;  Gaps    2;

Qy       2522 AAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTGC 2581
Db        150 AAAACATACAGACAGTGCAGAGGGGTTCCTCAGGGATCTGCTGTGTCCAGTGTGCTTTGC 209

Qy       2582 AGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGAC---GGG 2638
Db        210 TGCCTCTGCTATGGTCTTATGGAGAACGTCCTATTCAAGGACATCATTAAAAACAAAGGC 269

Qy       2639 CTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAA 2698
Db        270 TCTTTAATGAGACTGGTGGATGACTTCCTTCTCATCACCCCTGACCTGCGCGACGCACAG 329

Qy       2699 ACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGG 2758
Db        330 ACCTTTTGAAGATTCTGCTGGCTGGGGTCCCTCAGTATGGTTTGGTGGCTAATCCTCAG 389

Qy       2759 AAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAG 2818
Db        390 AAGATTGTGGTCAATTTTGAGGATTCTGAGAGCACAAACTCTTGTCCTGGCATTCGTGTG 449

Qy       2819 ATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAG 2878
Db        450 CTTCCCCTACGCTGCCTCTTCCCCTGGTGTGGACTGCTGCTGGATACATACAATCTCGAC 509

Qy       2879 GTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAAC 2938
Db        510 ATCTATAAAGACTATTCTAGCTATGCAAACCTGTCCTTGCGCTACAGCCTTACTTTAGGC 569

Qy       2939 CGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAG 2998
Db        570 CCCTGCCACTGTGCTGGACAGCAAATGAAGAGAAAACTGATGG----CTTCAGACTGAAG 625

Qy       2999 TGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATC 3058
Db        626 TGCCATGCCTTGTTCTTTGATCTAAAGACCAACTCTCTTGAAGCCATCTATAAGAATATC 685

Qy       3059 TACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTT 3118
Db        686 TACAAATTACTGCTGCTTCACGCACTCAGGTTCCATGTGTGTGCTCAGGGTCTGCCCTTT 745

Qy       3119 CATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGC 3174
Db        746 GGTCAGACTGTTGCTAAGAACCCAGCATACTTCCTGCTGATGATATGGCATATGGC 801
```

RESULT 33
AW244516/c

```
LOCUS       AW244516                 347 bp    mRNA    linear   EST 25-JAN-2002
DEFINITION  BR_END06B09 Bain Rancourt retinoic acid induced ES cell neural
            differentiation subtraction library Mus musculus cDNA clone 06B09
            similar to gb|AF073311|AF073311 Mus musculus telomerase catalytic
            subunit mRNA, complete cds, mRNA sequence.
ACCESSION   AW244516
VERSION     AW244516.1  GI:8051265
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 347)
  AUTHORS   Bain,G., Mansergh,F.C., Wride,M.A., Hance,J.E., Isogawa,A.,
            Rancourt,S.L., Ray,W.J., Yoshimura,Y., Tsuzuki,T., Gottlieb,D.I.
            and Rancourt,D.E.
  TITLE     ES cell neural differentiation reveals a substantial number of
            novel ESTs
  JOURNAL   Funct. Integr. Genomics 1 (2), 127-139 (2000)
  MEDLINE   21652683
   PUBMED   11793228
COMMENT     Contact: Rancourt DE
            Department of Biochemistry and Molecular Biology
            University of Calgary
            3330 Hospital Drive N.W., Calgary, Alberta, T2N 4N1, Canada
            Tel: 403 220 2888
```

```
            Fax: 403 283 8727
            Email: rancourt@ucalgary.ca; URL:http://www.acs.ucalgary.ca/
            rancourt
            DNA sequencing by: University Core DNA Services, University of
            Calgary. Submitted sequence has been trimmed at both ends to remove
            the adaptor oligos containing the EcoRI sites; i.e. GAATTCGGACTA
            (beginning) and TAGTCCGAATTC (end) removed. Therefore, reported
            insert length is longer than actual EST sequence length.
            Insert Length: 359   Std Error: 10.00
            Seq primer: T3 Or T7.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..347
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="129"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="06B09"
                     /cell_type="embryonic stem (ES) cell"
                     /cell_line="D3"
                     /lab_host="DH5 alpha"
                     /clone_lib="Bain Rancourt retinoic acid induced ES cell
                     neural differentiation subtraction library"
                     /note="Vector: pBluescript II SK+ (Stratagene); Site_1:
                     EcoR1; Site_2: EcoR1; Library constructed by Dr. Gerard
                     Bain (present address: Hoechst-ARIAD Genomic Center,
                     ARIAD Pharmaceuticals Inc., 26 Landsdowne Street,
                     Cambridge, Massachusetts, 02139-4234, U.S.A.). To isolate
                     cDNAs corresponding to mRNAs which are upregulated during
                     the neural differentiation of ES cells in vitro, the
                     subtractive hybridization technique of Wang and Brown [1]
                     was employed. Poly(A)+ RNA was prepared from both
                     undifferentiated ES cells and from embryoid bodies which
                     had been cultured for 4 days in the absence of RA followed
                     by an additional 3 days in the presence of 0.5 (M RA
                     (4-/3+ cells). These poly(A)+ RNAs were converted to
                     double-stranded cDNA using the Superscript Choice System
                     (Gibco). Aliquots of both cDNAs were digested with the
                     restriction enzymes AluI and AluI plus RsaI. An adaptor
                     oligo [1] containing an EcoRI site was ligated to the ends
                     of the restricted cDNAs to provide primer binding sites
                     and large amounts of each cDNA population were then
                     produced by the polymerase chain reaction (PCR) as
                     described [1]. Amplified cDNA from undifferentiated ES
                     cells was biotinylated using Photoprobe biotin (Vector
                     Laboratories) according to the manufacturer's protocol.
                     2.5 ug of amplified cDNA from 4-/3+ cells was mixed with
                     50 ug of biotinylated ES cell cDNA, denatured by boiling,
                     and hybridized for 20 h. Double stranded cDNAs containing
                     biotin were removed by streptavidin/phenol treatment as
                     described [1]. The remaining subtracted cDNA was mixed
                     with an additional 25 mg of biotinylated ES cell cDNA,
                     denatured by boiling, and hybridized for 2 h. The
                     streptavidin/phenol treatment was repeated and the
                     remaining cDNA was amplified by PCR [Wang and Brown,
                     1991]. Two additional rounds of subtraction were repeated
                     exactly as described above. The cDNA obtained from this
                     subtraction procedure was digested with EcoRI and ligated
                     to pBS II SK+ (Stratagene) followed by transformation
                     into E. coli DH5 cells. Individual colonies were picked
                     and the corresponding plasmids were isolated either by an
                     alkaline lysis miniprep procedure [2], or using the
                     Qiaprep spin miniprep kit (Qiagen). Sequence analysis was
                     performed using the Big Dye Cycle Sequencing kit and an
                     ABI373 sequencer (University Core DNA Services,
                     University of Calgary). 1. Wang,Z; Brown,DD (1991) A gene
                     expression screen. Proc. Natl. Acad. Sc i. USA 88,
                     11505-11509. 2. Sambrook,J; Fritsch,EF; Maniatis,T. (1989)
                     Molecular Cloning:A Laboratory Manual. Cold Spring Harbor
                     Laboratory Press, Cold Spring Harbor,New York."
ORIGIN

  Query Match             4.5%;  Score 182.6;  DB 2;  Length 347;
  Best Local Similarity   72.6%;  Pred. No. 2.2e-27;
  Matches  252;  Conservative    0;  Mismatches   89;  Indels    6;  Gaps    1;

Qy       2271 ACTGCGTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCT 2330
Db        347 ACTGTATCCGCCAGTATGCAGTGGTCCGGAGAGATAGCCAAGGCCAAGTCCACAAGTCCT 288

Qy       2331 TCAAGAGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTC 2390
Db        287 TTAGGAGACAGGTCACCACCCTCTCTGACCTCCAGCCATACATGGGCCAGTTCCTTAAGC 228

Qy       2391 ACCTGCAG------GAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCT 2444
Db        227 ATCTGCAGGATTCAGATGCCAGTGCACTGAGGAACTCCGTTGTCATCGAGCAGAGCATCT 168

Qy       2445 CCCTGAATGAGGCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACG 2504
Db        167 CTATGAATGAGAGCAGCAGCAGCCTGTTTGACTTCTTCCTGCACTTCCTGCGTCACAGTG 108

Qy       2505 CCGTGCGCATCAGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCC 2564
Db        107 TCGTAAAGATTGGTGACAGGTGCTATACGCAGTGCCAGGGCATCCCCCAGGGCTCCAGCC 48

Qy       2565 TCTCCACGCTGCTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAG 2611
Db         47 TATCCACCCTGCTCTGCAGTCTGTGTTTCGGAGACATGGAGAACAAG 1


RESULT 34
BU377259
LOCUS       BU377259                 880 bp    mRNA    linear   EST 28-NOV-2002
DEFINITION  603811228F1 CSEQCHN74 Gallus gallus cDNA clone ChEST798g7 5', mRNA
            sequence.
ACCESSION   BU377259
VERSION     BU377259.1  GI:25885260
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Gallus gallus (chicken)
  ORGANISM  Gallus gallus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Archosauria; Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae;
            Phasianinae; Gallus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 880)
  AUTHORS   Boardman,P.E., Sanz-Ezquerro,J., Overton,I.M., Burt,D.W., Bosch,E.,
            Fong,W.T., Tickle,C., Brown,W.R.A., Wilson,S.A. and Hubbard,S.J.
  TITLE     A Comprehensive Collection of Chicken cDNAs
  JOURNAL   Curr. Biol. 12 (22), 1965-1969 (2002)
  MEDLINE   22335534
   PUBMED   12445392
COMMENT     Contact: Simon Hubbard
            Department of Biomolecular Sciences
            University of Manchester Institute of Science and Technology
            (UMIST)
            PO Box 88, Manchester, M60 1QD, UK
            Tel: 01612008930
            Fax: 01612360409
            Email: Simon.Hubbard@umist.ac.uk.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..880
                     /organism="Gallus gallus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="Compton Line 15I"
                     /db_xref="taxon:9031"
                     /clone="ChEST798g7"
                     /sex="Female"
                     /dev_stage="adult"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="CSEQCHN74"
                     /note="Organ: kidney + adrenal; Vector: pBluescript II
                     KS(+); Site_1: EcoRI; Site_2: NotI; This normalized
                     library was constructed from 1 million independent clones.
                     cDNA synthesis was initiated using an oligo(dT) primer,
                     using methylated C in the first strand synthesis reaction.
                     Following this first strand reaction, double-stranded cDNA
                     was blunted, ligated to NotI adapters, digested with
```

```
                 EcoRI, size-selected, and cloned into the NotI and EcoRI
                 compatible sites of a custom modified MCS of the
                 pBluescript (KS+) vector. The library was normalized in 2
                 rounds using conditions adapted from Soares et al., PNAS
                 (1994) 91: 9228-9232 and Bonaldo et al., Genome Research 6
                 (1996): 791, except that a significantly longer
                 reannealing hybridization was used."
ORIGIN

  Query Match             4.5%;  Score 180.2;  DB 5;  Length 880;
  Best Local Similarity   61.8%;  Pred. No. 8.2e-27;
  Matches  337;  Conservative    0;  Mismatches  203;  Indels    5;  Gaps    3;

Qy       2898 GCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTCAAGGCTGGGA 2957
               | ||||||    || || |||||| | |||||  |||||||      |     | ||||||
Db        266 GTTATGCCTTTACTTCTATCAGATCAAGTCTTTCCTTCAATTCAAGTAGAATAGCTGGGA 325

Qy       2958 GGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGCCTGTTTCTGG 3017
                ||||||    ||||| |    ||  ||| |      ||||| || ||       | |||| |
Db        326 AAAACATGAAATGCAAATTGACTGCAGTCCTCAAACTGAAATGCCATCCTTTACTTCTTG 385

Qy       3018 ATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATCCTCCTGCTGC 3077
               | ||  || | ||||||| ||||| ||      |   ||||||||||||| |   | || |
Db        386 ACTTAAAGATCAACAGCCTTCAGACAGTTCTAATTAACATCTACAAGATATTTTTACTTC 445

Qy       3078 AGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAAGTTTGGAAGA 3137
              |||| |||||||| || || ||||| || ||||| |||||    | ||| ||||| |||| |
Db        446 AGGCTTACAGGTTCCATGCCTGTGTTCTTCAGCTTCCATTCAACCAGAAAGTTAGGAATA 505

Qy       3138 ACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTACTCCATCCTGA 3197
               | ||     || |||||   |  ||||||||| || || ||    |||||| |  |||||||
Db        506 ATCCTGATTTCTTCCTAAGGATCATCTCTGATACTGCTTCATGCTGCTATTTTATCCTGA 565

Qy       3198 AAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCG 3257
              |||| || ||  ||||   | ||  ||  |||   |||  ||   | | | | | ||||  |
Db        566 AAGCTAAAAATCCAGGAGTTCTTTAGGTAGCAAAGATGCATCTGG-CATGTTCCCTTTG 624

Qy       3258 AGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCTGACTCGACACCGTGTCA 3317
              |||| |    | ||||||||| |||| || ||| |  |||| |||  || | |||      |
Db        625 AGGCAGCAGAATGGCTGTGCTACCATGCCTTCATTGTCAAACTG--TCCAAACCACAAAA 682

Qy       3318 CCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCC--AGACGCAGCTGAGTCGGAAGCT 3375
                 ||  | | | | ||    | |  |    | || |    ||| ||| |||      |||| |
Db        683 GTTATTTACAAATGCTTACTTAAGCCCTTAAAGTCTATAGATGCATCTGTTGGCGAAGAT 742

Qy       3376 CCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCAACCCGGCACTGCCCTCAGACTT 3435
              ||| ||||       ||     |     || | | ||   || | || | ||      |||| ||
Db        743 CCCAGGGATACTTATGGGAACTGGTGAAGACGGGACCGAACCATCGCTTGGTCCAGAATT 802

Qy       3436 CAAGA 3440
              |||  |
Db        803 CAAAA 807


RESULT 35
BI388013
LOCUS       BI388013                775 bp    mRNA    linear   EST 26-AUG-2003
DEFINITION  BFL26_002716 Amphioxus 26hr cDNA library (Name convention: BFL26 or
            MPMGp531) Branchiostoma floridae cDNA clone MPMGp531A0937 5', mRNA
            sequence.
ACCESSION   BI388013
VERSION     BI388013.1  GI:30922834
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Branchiostoma floridae (Florida lancelet)
  ORGANISM  Branchiostoma floridae
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Cephalochordata; Branchiostomidae;
            Branchiostoma.
REFERENCE   1  (bases 1 to 775)
  AUTHORS   Panopoulou,G., Hennig,S., Groth,D., Krause,A., Poustka,A.J.,
            Herwig,R., Vingron,M. and Lehrach,H.
  TITLE     New evidence for genome-wide duplications at the origin of
            vertebrates using an amphioxus gene set and completed animal
            genomes
  JOURNAL   Genome Res. 13 (6A), 1056-1066 (2003)
   MEDLINE  22683279
    PUBMED  12799346
COMMENT     Contact: Panopoulou G
            laboratory 145, dept.Lehrach
            Max-Planck-Institut fuer Molekulare Genetik
            Ihnestr.63-73, D-14195 Berlin, Germany
            Tel: +49 30 8413 1235
            Fax: +49 30 8413 1128
            Email: panopoul@molgen.mpg.de
            The library was characterised by oligonucleotide fingerprinting
            (ONFP) to reduce sequencing redundancy. According to the ONFP
            procedure, clones giving the same hybridisation pattern with a
            battery of 200 8mer oligonucleotides are grouped into clusters. One
            clone per cluster is selected for sequencing. The size of each
            cluster is an indicator of the frequency of a transcript in the
            analysed library. The cluster size as well the coordinates of the
            rest of the clones assigned to the same fingerprint cluster as the
            clone from which the above EST is generated is available at the
            amphioxus project site at: http://www.molgen.mpg.de/amphioxus/
            Clones and filters are distributed via the Resource Center/Primary
            Database of the German Genome Project (http://www.rzpd.de)
            PCR PRimers
            FORWARD: 5'  CCCCAGGCTTTACACTTTATGCTTCCGGCTCG 3'  (M13RSP)
            BACKWARD: 5'  GCTATTACGCCAGCTGGCGAAAGGGGGATGTG 3'  (M13FSP)
            Insert Length: 1    Std Error: 0.00
            Seq primer: 5'-CCGGTCCGGAATTCCCGGGT-3' pSport3/86
            High quality sequence stop: 775.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..775
                     /organism="Branchiostoma floridae"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:7739"
                     /clone="MPMGp531A0937"
                     /tissue_type="whole embryo"
                     /dev_stage="26 hrs (neurula stage)"
                     /lab_host="E.coli, XL1 blue"
                     /clone_lib="Amphioxus 26hr cDNA library (Name convention:
                     BFL26 or MPMGp531)"
                     /note="Vector: pSport1 (Gibco BRL); Site_1: SalI, KpnI,
                     EcoRI (5'); Site_2: NotI, BamHI, HindIII (3'); OligodT
                     primed and directionally cloned in pSport1 vector using a
                     NotI (5'-pGACTAGTTCTAGATCGCGAGCGGCCGCCC (T)15-3' and a
                     SalI 5'- TCGACCCACGCGTCCG-3'adapters (Gibco BRL)."
ORIGIN

  Query Match             4.2%;  Score 167.6;  DB 4;  Length 775;
  Best Local Similarity   54.3%;  Pred. No. 3.4e-24;
  Matches  366;  Conservative    0;  Mismatches  299;  Indels    9;  Gaps    1;

Qy       2497 CCACCACGCCGTGCGCATCAGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGG 2556
               | | ||||    | |  ||| ||||  |    | ||||     |||   |    ||||||  |||||
Db         17 CGATCACGTGATCCAGATCGGGGGGAGCTACTACCGGCAGATCAGCGGGATCAGTCAGGG 76

Qy       2557 CTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTT 2616
                |||  ||| ||||| |||||||| |||  |  | |||||    |||||||||   |   |
Db         77 ATCCTGCCTGTCCACCCTGCTCTGTAGCTTCTTCTACGCTAACATGGAGAGGAGACATCT 136

Qy       2617 TGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGAC 2676
                  || ||         ||| ||| |||| |||||| |||||||||| ||   || |||||||
Db        137 CTGTGGCATGGACATGGATGGGTTGCTGCTGCGTCTGGTGGATGACTTTCTGCTGGTGAC 196

Qy       2677 ACCTCACCTCACCCACGCGAAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTA 2736
                 || |||||      ||| ||  |  |  ||||||||  ||| || |         ||| ||||||| ||
Db        197 CCCACACCTGGACCAGGCTACAGCCTTCCTCTGTACCATGTTGGATGGTATCCCTGAATA 256

Qy       2737 TGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCT 2796
              ||| |||     ||     |       |      ||        ||     ||||||||||    |   ||    |
Db        257 TGGGTGCAGCGTTCATCCGGACAAAGTCCTGACCAACTTCCCTGTCCAGCACAGGAATGC 316

Qy       2797 GGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCT 2856
                |   |   ||    |                 |||  ||    ||||     ||||| ||||||||| ||||
Db        317 TGTGGTGACATGT---------CAGCCAGCAGTCGGCTGGTTCCCGTGGTGCGGCATGCT 367
```

```
Qy       2857 GCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCAT 2916
Db        368 GTTCCACACTCTCCTGCTAGGGGTCATGAGAGACTACACAAAATATGCCAACCTGAGTAT 427

Qy       2917 CAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACT 2976
Db        428 CAGGTACACTTTGACCTTTGACCTCCATCAGACTCCCGGTCAGGCCATGAAACAGAAGCT 487

Qy       2977 CTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCT 3036
Db        488 GATGAACACTGTCAAGGCCAAGTGTCATGCCTTCTTCCTGGAGCCCAAGGTGAATTCAGC 547

Qy       3037 CCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGC 3096
Db        548 AGCTGTGATTCAACAGACTCTCTACAAGGCATTCCTGTTCACAGCCCACCAGTTCCACAG 607

Qy       3097 ATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCG 3156
Db        608 CTACAACAGCTGTCTGCCCTCCATGTGCAGGGCTCAAGACAACCCTGCATTCTTCCTCAC 667

Qy       3157 CGTCATCTCTGACA 3170
Db        668 AATGATCATGGACA 681
```

RESULT 36
BX886589
LOCUS   BX886589   703 bp   mRNA   linear   EST 27-JUL-2004
DEFINITION BX886589 tcbk Oncorhynchus mykiss cDNA clone tcbk0036c.p.02 5prim, mRNA sequence.
ACCESSION   BX886589
VERSION   BX886589.2 GI:42819050
KEYWORDS   EST.
SOURCE   Oncorhynchus mykiss (rainbow trout)
  ORGANISM Oncorhynchus mykiss
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Euteleostei; Protacanthopterygii; Salmoniformes; Salmonidae; Oncorhynchus.
REFERENCE   1 (bases 1 to 703)
  AUTHORS   Govoroun,M., Guiguen,Y. and Le Gac,F.
  TITLE   Construction and primary characterization of normalized cDNA libraries in rainbow trout, Oncorhynchus mykiss
  JOURNAL   Unpublished (2003)
COMMENT   On Dec 18, 2003 this sequence version replaced gi:40135983.
            Contact: Guiguen Y
            INRA - SCRIBE
            Campus de beaulieu, RENNES cedex, 35042, France
            Tel: 02.23.48.50.09
            Fax: 02.23.48.50.20
            Email: Yann.Guiguen@beaulieu.rennes.inra.fr
            Sequence cleaned of vector, adaptator and repetitions. Contact us at sigenasupport@jouy.inra.fr to obtain the chromatogram of this sequence.
            Plate: 0036 row: p column: 2
            Seq primer: M13R.
FEATURES   Location/Qualifiers
     source   1..703
                     /organism="Oncorhynchus mykiss"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:8022"
                     /clone="tcbk0036c.p.02"
                     /tissue_type="multi-tissues"
                     /dev_stage="from embryos to adults"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="tcbk"
                     /note="Vector: pT7T3D-pac; AGENAE Rainbow trout multi-tissues - normalized + 2 subtractions; Clone distribution : AGENAE Resource centre. Francois PIUMI, Francois.Piumi@jouy.inra.fr, INRA, CEA Radiobiologie et Etude du genome (LREG), Domaine de Vilvert, 78352, Jouy-en-Josas cedex, FRANCE, +33 (0) 1.34.65.28.02, +33 (0) 1.34.65.22.73"
ORIGIN

  Query Match   4.0%; Score 162.4; DB 5; Length 703;
  Best Local Similarity   55.5%; Pred. No. 4.1e-23;
  Matches 333; Conservative   0; Mismatches 266; Indels   1; Gaps   1;

```
Qy       2858 CTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATC 2917
Db          1 CTGAATACACACACCCTGGACGTCTACA-CAACTACGCCAGCTACGCTGGCCTATCCCTG 59

Qy       2918 AGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTC 2977
Db         60 CGCTACAGCCTGACGCTAGGCTCCGCCCACTGCGCGGGGCAGCAAATGAAGAGGAAGCTC 119

Qy       2978 TTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTC 3037
Db        120 ATGTCCATCCTTAGATTCAAGTGCCACGCCCTCTTCCTGGACCTCAAAACCAACTCCCTG 179

Qy       3038 CAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCA 3097
Db        180 GAGGCTGTCTATAGCAACGTCTATAAGTTAGTGTTGCTGCAGGCGTTCAGGTTCCATGCC 239

Qy       3098 TGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGC 3157
Db        240 TGTGCACAGAGTTTGCCGTTTGGTCAGAAAGTGGGCGGAAACCACTCGTACTTCCTCAAT 299

Qy       3158 GTCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATG 3217
Db        300 CTGATCTGGGACTTGGCGGAGTACACCAACCATCTAGTCAGACTCTGCAACAAAGGTGTG 359

Qy       3218 TCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGC 3277
Db        360 TCTCTAGGCTGTAAGGCTTTAACAGGTAGCCTTCAGTATGAGGCAGTAGAACTGATATAC 419

Qy       3278 CACCAAGCATTCCTGCTCAAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGG 3337
Db        420 TGTCTGGCCTTCCTGTTGGTTCTGTCCCGTCATCGCCCCCTCTACTACCATCTCCTCGCT 479

Qy       3338 TCACTCAGGACAGCCCAGACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCC 3397
Db        480 CCGCTACGCACACGTAAGAGGAAGCTGGAGGGGAAGCTGGAGGGTTTGAGATTGGCCCGA 539

Qy       3398 CTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGG 3457
Db        540 ATCAGACAGGCTGCCACACCCAAAATGCCTGAAGACTTCAAGGCCATCCAGGCCTAGAGG 599
```

RESULT 37
CK392784
LOCUS   CK392784   619 bp   mRNA   linear   EST 29-DEC-2003
DEFINITION K0850A03-5 NIA Mouse 8.5-dpc Whole Embryo cDNA Library (Long) Mus musculus cDNA clone NIA:K0850A03 IMAGE:30083138 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CK392784
VERSION   CK392784.1 GI:40383303
KEYWORDS   EST.
SOURCE   Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1 (bases 1 to 619)
  AUTHORS   Piao,Y., Ko,N.T., Lim,M.K. and Ko,M.S.H.
  TITLE   Construction of long-transcript enriched cDNA libraries from submicrogram amounts of total RNAs by a universal PCR amplification method
  JOURNAL   Genome Res. 11 (9), 1553-1558 (2001)
  MEDLINE   21429098
   PUBMED   11544199
COMMENT   Contact: Dawood B. Dudekula
            Laboratory of Genetics
            National Institute on Aging/National Institutes of Health
            333 Cassell Drive, Suite 4000, Baltimore, MD 21224-6820, USA
            Email: cdna@lgsun.grc.nia.nih.gov
            Plate: K0850 row: A column: 03

```
                     Seq primer: M13 Reverse
                     High quality sequence stop: 619
                     POLYA=No.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..619
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="niaEST:K0850A03-5"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="NIA:K0850A03 IMAGE:30083138"
                     /tissue_type="whole embryo including extraembryonic
                     tissues at 8.5-days postcoitum"
                     /dev_stage="8.5-days postcoitum"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NIA Mouse 8.5-dpc Whole Embryo cDNA Library
                     (Long)"
                     /note="Vector: pSPORT1 (Invitrogen); Site_1: SalI; Site_2:
                     NotI; Mouse cDNA project by the Laboratory of Genetics,
                     National Institute on Aging (NIA), Intramural Research
                     Program, NIH (http://lgsun.grc.nia.nih.gov/cDNA). This is
                     a long-transcript enriched cDNA library (Ref. Genome Res.
                     11: 1553-1558 (2001). [PMID: 11544199]). Total RNAs were
                     extracted from a pool of 13 embryos at 8.5-days
                     postcoitum. Double-stranded cDNAs were synthesized with an
                     Oligo(dT) primer [Invitrogen:
                     5'-pGACTAGTTCTAGATCGCGAGCGGCCGCCCTTTTTTTTTTTTTTT-3'] from
                     9.1 ug of total RNA, treated with T4 DNA polymerase, and
                     purified by ethanol-precipitation. The cDNAs were ligated
                     to Lone-linker LL-Sal4, purified by phenol/chloroform, and
                     separated from free linkers by Centricon 100. Then, the
                     cDNAs were amplified by long-range high fidelity PCR using
                     Ex Taq polymerase (Takara) with a primer Sal4-S. The
                     products were purified by phenol/chloroform and Centricon
                     100. The cDNAs were digested with SalI and NotI enzymes
                     and cloned into SalI/NotI site of pSPORT1 plasmid vector.
                     The DH10B E. coli host was transformed with the ligation
                     mixture by the standard chemical method. The average
                     insert size is about 2.5 kb. The library was constructed
                     by Yulan Piao (NIA)."
ORIGIN

  Query Match            3.9%;  Score 155.4;  DB 7;  Length 619;
  Best Local Similarity  57.5%;  Pred. No. 1.2e-21;
  Matches  364;  Conservative    0;  Mismatches  251;  Indels   18;  Gaps    4;

Qy        679 GGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAGGAGGCGCGGGGGCAGTGC 738
Db          2 GGAAGCACCGAAACCCCTGGCCTCGCCATCTCGAGGTACAAAGAGGCATCTGAGTCTCAC 61

Qy        739 CAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGCTGCCCCTGAGCCGGAGCG 798
Db         62 CAGTACAAGTGTGCCTTCAGCTAAGAAGGCCAGATGCTATCCTGTCCCGAGAGTGGAGGA 121

Qy        799 GACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGACGCGTGGACCGAGTGACCG 858
Db        122 GGGACCCCACAGGCAGGTGCTACCAACCCCATCAGGCAAATCATGGGTGCCAAGTCCTGC 181

Qy        859 TGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGCCACCTCTTTGGAGGGTGC 918
Db        182 TCGGTCCCCCGAGGTGCCTACTGCA---------GAGAAAGATTTGTCTTCTAAAGGAAA 232

Qy        919 GCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCAGCACCACGCGGGCCCCCC 978
Db        233 GGTGTCTGACCTGAGTCTCTCTGGG---TCGGTGTGCTGTAAACACAAGCCCAGCTCCAC 289

Qy        979 ATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCCCCCGGTGTACGCCGAGAC 1038
Db        290 ATCTCT---GCTGTCACCACCCCGCCAAAATGCCTTTCAGCTCAGGCCATTTATTGAGAC 346

Qy       1039 CAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGA---CAAGGAGCAGCTGCGGCCCTCCTTCCTACT 1095
Db        347 CAGACATTTCCTTTACTCCAGGGGAGATGGCCAAGAGCGTCTAAACCCCTCATTCCTACT 406

Qy       1096 CAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGAGACCATCTTTCTGGG 1155
Db        407 CAGCAACCTCCAGCCTAACTTGACTGGGGCCAGGAGACTGGTGGAGATCATCTTTCTGGG 466

Qy       1156 TTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCTGCCCCAGCGCTACTG 1215
Db        467 CTCAAGGCCTAGGACATCAGGACCACTCTGCAGGACACACCGTCTATCGCGTCGATACTG 526

Qy       1216 GCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCAGTGCCCCTACGGGGT 1275
Db        527 GCAGATGCGGCCCCTGTTCCAACAGCTGCTGGTGAACCATGCAGAGTGCCAATATGTCAG 586

Qy       1276 GCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGC 1308
Db        587 ACTCCTCAGGTCACATTGCAGGTTTCGAACAGC 619


RESULT 38
BU139751
LOCUS       BU139751                 696 bp    mRNA    linear   EST 25-NOV-2002
DEFINITION  603134527F1 CSEQCHL24 Gallus gallus cDNA clone ChEST116f8 5', mRNA
            sequence.
ACCESSION   BU139751
VERSION     BU139751.1  GI:25354188
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Gallus gallus (chicken)
  ORGANISM  Gallus gallus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Archosauria; Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae;
            Phasianinae; Gallus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 696)
  AUTHORS   Boardman,P.E., Sanz-Ezquerro,J., Overton,I.M., Burt,D.W., Bosch,E.,
            Fong,W.T., Tickle,C., Brown,W.R.A., Wilson,S.A. and Hubbard,S.J.
  TITLE     A Comprehensive Collection of Chicken cDNAs
  JOURNAL   Curr. Biol. 12 (22), 1965-1969 (2002)
  MEDLINE   22335534
   PUBMED   12445392
COMMENT     Contact: Simon Hubbard
            Department of Biomolecular Sciences
            University of Manchester Institute of Science and Technology
            (UMIST)
            PO Box 88, Manchester, M60 1QD, UK
            Tel: 01612008930
            Fax: 01612360409
            Email: Simon.Hubbard@umist.ac.uk.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..696
                     /organism="Gallus gallus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="White Leghorn, Hisex"
                     /db_xref="taxon:9031"
                     /clone="ChEST116f8"
                     /dev_stage="16 day embryo"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="CSEQCHL24"
                     /note="Organ: brain; Vector: pBluescript II KS(+); Site_1:
                     EcoRI; Site_2: Not1; Modification of pBluescript II KS(+)
                     [Stratagene] vector to accommodate cDNA produced with the
                     T-trimmed protocol (Construction of uni-directionally
                     cloned cDNA libraries from messenger RNA for improved 3'
                     end DNA sequencing by Glenn Fu, et al. U.S. Patent #
                     6,387,624). Cut pBluescript II KS(+) with NotI and EcoRI.
                     Ligate in double stranded adaptor containing BsgI and
                     BamHI sites [5'ggccgcgtgcagccccggatccgaaaaaaag]
                     [5'aattcttttttcggatccggggctgcacgc]"
ORIGIN

  Query Match            3.9%;  Score 154.8;  DB 5;  Length 696;
  Best Local Similarity  56.0%;  Pred. No. 1.6e-21;
  Matches  319;  Conservative    0;  Mismatches  242;  Indels    9;  Gaps    1;

Qy         28 GGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCG 87
```

```
Db          20 GGGAGTCGGCGTGCGGCGGCTCCGCAATGTAGCGCGGGAGGAGCCCTTCGCCGCGGTCCT 79

Qy          88 CTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCT 147

Db          80 GGGCGCGCTGCGGGGCTGCTACGCCGAGGCCACGCCGCTGGAGGCCTTCGTCCGGCGGCT 139

Qy         148 G---------GGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCG 198

Db         140 GCAGGAGGGTGGCACCGGGGAGGTCGAGGTGCTGCGAGGCGACGACGCTCAGTGCTACCG 199

Qy         199 CGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGCACGGCCGCCCCCCGCCGC 258

Db         200 GACCTTCGTGTCGCAGTGCGTGGTGTGCGTCCCCCGCGGTGCTCGCGCCATCCCCCGGCC 259

Qy         259 CCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCT 318

Db         260 CATCTGCTTCCAGCAGTTATCCAGTCAGAGCGAAGTCATCACAAGAATCGTTCAGAGGCT 319

Qy         319 GTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCG 378

Db         320 GTGTGAAAAGAAAAAGAAGAACATCCTTGCGTATGGATACTCCTTGCTGGATGAGAACAG 379

Qy         379 CGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTACCTGCCCAACACGGTGAC 438

Db         380 TTGTCACTTCAGAGTTTTGCCATCTTCGTGTATATACAGCTATCTGTCCAATACTGTAAC 439

Qy         439 CGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCGCCGCGTGGGCGACGACGT 498

Db         440 AGAAACGATTCGCATCAGTGGCCTCTGGGAGATACTGCTGAGTAGGATAGGGGACGACGT 499

Qy         499 GCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTA 558

Db         500 GATGATGTACCTGCTGGAGCACTGTGCACTCTTCATGCTGGTTCCCCAAGTAACTGTTA 559

Qy         559 CCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCT 588

Db         560 CCAGGTCTGCGGGCAACCAATTTATGAACT 589
```

RESULT 39
CA380121

```
LOCUS       CA380121                 668 bp    mRNA    linear   EST 06-NOV-2002
DEFINITION  659344 NCCCWA 1RT Oncorhynchus mykiss cDNA clone 1RT49P11_B_H06 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   CA380121
VERSION     CA380121.1  GI:24701509
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Oncorhynchus mykiss (rainbow trout)
  ORGANISM  Oncorhynchus mykiss
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Euteleostei;
            Protacanthopterygii; Salmoniformes; Salmonidae; Oncorhynchus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 668)
  AUTHORS   Rexroad,C.E. 3rd, Lee,Y., Keele,J.W., Karamycheva,S., Brown,G.,
            Koop,B., Gahr,S.A., Palti,Y. and Quackenbush,J.
  TITLE     Sequence analysis of a rainbow trout cDNA library and creation of a
            gene index
  JOURNAL   Cytogenet. Genome Res. 102 (1-4), 347-354 (2003)
COMMENT     Contact: Rexroad CE
            USDA, ARS, National Center for Cool and Cold Water Aquaculture
            11876 Leetown Road, Kearneysville, WV 25430, USA
            Tel: 304 724 8340 x2129
            Fax: 304 725 0351
            Email: crexroad@ncccwa.ars.usda.gov
            Single pass sequencing. Bases called with phred v0.020425.c and
            trimmed with the aid of the trim_alt option. Vector identified by
            cross_match v0.990329.
            Seq primer: AGCGGATAACAATTTCACACAGGA.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..668
                     /organism="Oncorhynchus mykiss"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:8022"
                     /clone="1RT49P11_B_H06"
                     /tissue_type="pooled"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCCCWA 1RT"
                     /note="Vector: pCMV SPORT6; Site_1: NotI; Site_2: SalI;
                     Library made from pooled tissue from brain, gill, liver,
                     spleen, muscle, and kidney."
ORIGIN

  Query Match             3.7%;  Score 150.4;  DB 6;  Length 668;
  Best Local Similarity   57.5%;  Pred. No. 1.3e-20;
  Matches  315;  Conservative    0;  Mismatches  221;  Indels   12;  Gaps    2;

Qy        1406 CTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGC 1465

Db           7 CTCCTGCCCCAGCACAGTGCACCTCACCGGGTGTACCTCTTTGTCAGAGAGTGCCTCAAC 66

Qy        1466 CGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAAC 1525

Db          67 GCGGTGGTCCCCTCGGAGTTCTGGGGGTCGGACCATAACCGATTCAAATTCCTGTCCGCA 126

Qy        1526 ACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGG 1585

Db         127 GTCAGGAACTTCCTGTCCATGGGCAAGTTTGAGAGGATGTCATTGGCTGAGCTGATGTGG 186

Qy        1586 AAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCG 1645

Db         187 AAGATGAAGGTGAATGACTGTGATTGGCTGAAGATCAGCAAGACGGGCCGCTG---CCCG 243

Qy        1646 GCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGT 1705

Db         244 CCCAGTGAGCTGTCGTATCGGACGCGGGTGCTAGGCCAGCTCCTGGCTTGGCTGCTGGAT 303

Qy        1706 GTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAG 1765

Db         304 GGCTATGTGCTAGGCCTGGTGAGAGCTATGTTCTACGTCACAGAGAGCATGGGACAGAAG 363

Qy        1766 AACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGA 1825

Db         364 AACGCACTGCGCTTCTACAGATACCAGGTCTGGGCCAAGCTGCAGGAGCTGGCTTTCAGT 423

Qy        1826 CAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGG 1885

Db         424 GGTCACCTCTCTAAAGGTCAGATGTCAGAGTTGACCCTGGCCCAGGTGACGTCGCTCCCC 483

Qy        1886 GAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTG 1945

Db         484 AAAACCACTGTCCCC---------TCCCGCCTCCGCTTCATCCCCAAGACCGAAGGGATG 534

Qy        1946 CGGCCGAT 1953

Db         535 AGACCCAT 542
```

RESULT 40
AI824948/c

```
LOCUS       AI824948                 148 bp    mRNA    linear   EST 16-DEC-1999
DEFINITION  wb04c01.x1 NCI_CGAP_GC6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2304672 3',
            mRNA sequence.
ACCESSION   AI824948
VERSION     AI824948.1  GI:5445619
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 148)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP),
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
```

```
             Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
             Tissue Procurement: Christopher A. Moskaluk, M.D., Ph.D., Michael
             R. Emmert-Buck, M.D., Ph.D.
              cDNA Library Preparation: M. Bento Soares, Ph.D., M. Fatima
             Bonaldo, Ph.D.
              cDNA Library Arrayed by: Greg Lennon, Ph.D.
              DNA Sequencing by: Washington University Genome Sequencing Center
              Clone distribution: NCI-CGAP clone distribution information can be
             found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
             www-bio.llnl.gov/bbrp/image/image.html
             Insert Length: 423   Std Error: 0.00
             Seq primer: -40UP from Gibco
             High quality sequence stop: 137.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..148
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:2304672"
                     /tissue_type="pooled germ cell tumors"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_GC6"
                     /note="Vector: pT7T3D-Pac (Pharmacia) with a modified
                     polylinker; Site_1: Not I; Site_2: Eco RI; Plasmid DNA
                     from the normalized library NCI_CGAP_GC4 was prepared, and
                     ss circles were made in vitro. Following HAP purification,
                     this DNA was used as tracer in a subtractive hybridization
                     reaction. The driver was PCR-amplified cDNAs from a pool
                     of 5,000 clones made from the same library (cloneIDs
                     1257096-1258631, 1469064-1470983, and 1475592-1476743).
                     Subtraction by Bento Soares and M. Fatima Bonaldo. "
ORIGIN

  Query Match             3.5%;  Score 140;  DB 1;  Length 148;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 1.5e-18;
  Matches  140;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       3876 GGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGG 3935
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        148 GGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGG 89

Qy       3936 GGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAG 3995
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         88 GGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAG 29

Qy       3996 TTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||
Db         28 TTTTCAGTTTTGAAAAAAA 9


RESULT 41
AZ972318
LOCUS       AZ972318                 641 bp    DNA     linear   GSS 27-APR-2001
DEFINITION  2M0246F07F Mouse 10kb plasmid UUGC2M library Mus musculus genomic
            clone UUGC2M0246F07 F, genomic survey sequence.
ACCESSION   AZ972318
VERSION     AZ972318.1  GI:13843545
KEYWORDS    GSS.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 641)
  AUTHORS   Dunn,D., Aoyagi,A., Barber,M., Beacorn,T., Duval,B., Hamil,C.,
            Islam,H., Longacre,S., Mahmoud,M., Meenen,E., Pedersen,T.,
            Reilly,M., Rose,M., Rose,R., Stokes,R., Tingey,A., von
            Niederhausern,A. and Wright,D.,Weiss,R.
  TITLE     Mouse whole genome scaffolding with paired end reads from 10kb
            plasmid inserts
  JOURNAL   Unpublished (2000)
COMMENT     Contact: Robert B. Weiss
            University of Utah Genome Center
            University of Utah
            Rm. 308, Biomedical Polymers Research Bldg., 20 S. 2030 E., SLC, UT
            84112, USA
            Tel: 801 585 5606
            Fax: 801 585 7177
            Email: ddunn@genetics.utah.edu
            Insert Length: 10000   Std Error: 0.00
            Plate: 0246  row: F  column: 07
            Seq primer: CGTTGTAAAACGACGGCCAGT
            Class: plasmid ends
            High quality sequence stop: 641.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..641
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="UUGC2M0246F07"
                     /sex="Female"
                     /lab_host="E. coli strain XL10-Gold, T1-resistant, F-"
                     /clone_lib="Mouse 10kb plasmid UUGC2M library"
                     /note="Vector: PWD42nv; Purified genomic DNA from M.
                     musculus C57BL/6J (female) was obtained  from the Jackson
                     Laboratory Mouse DNA Resource
                     (http://www.jax.org/resources/documents/dnares/). The DNA
                     was hydrodynamically sheared by repeated passage through a
                     0.005 inch orifice at constant velocity. The sheared DNA
                     was blunt end-repaired with T4 DNA polymerase and T4
                     polynucleotide kinase. Adaptor oligonucleotides were
                     ligated to the blunt ends in high  molar excess. The
                     adaptored DNA was purified and size-selected for a 9.5 to
                     10.5 kb range using preparative agarose gel
                     electrophoresis. Vector DNA was prepared from a derivative
                     of pWD42 (gi|4732114|gb|AF129072.1), a copy-number
                     inducible derivative of plasmid R1. The vector was ligated
                     with adaptors complementary to the insert adaptors and
                     purified. The sheared, adaptored mouse DNA was annealed to
                     adaptored vector DNA, and transformed into
                     chemically-competent E. coli XL10-Gold (Stratagene) cells
                     and selected for ampicillin resistance."
ORIGIN

  Query Match             3.3%;  Score 132;  DB 8;  Length 641;
  Best Local Similarity   61.6%;  Pred. No. 9.1e-17;
  Matches  229;  Conservative    0;  Mismatches  140;  Indels    3;  Gaps    1;

Qy        963 ACCACGCGGGCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCCCC 1022
              | |||  |  |  | |  |  |   || | ||||||  | |    |  |   |   | |
Db        216 AACACAAGCCCAGCTCCACATCTCTGCTGTCACCACCCCGCCAAAATGCCTTTCAGCTCA 275

Qy       1023 CGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGA---CAAGGAGCAGCTGC 1079
               |   |     |||||||  || ||||| ||||||   || ||   | | ||||  ||
Db        276 GGCCATTTATTGAGACCAGACATTTCCTTTACTCCAGGGGAGATGGCCAAGAGCGTCTAA 335

Qy       1080 GGCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGG 1139
                ||||| ||||||||||||   ||   ||| | | ||||||| ||  |||| || ||||
Db        336 ACCCCTCATTCCTACTCAGCAACCTCCAGCCTAACTTGACTGGGGCCAGGAGACTGGTGG 395

Qy       1140 AGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCC 1199
              ||| |||||||||||| || |||||  |||   ||||  | | | |||||   | ||| |
Db        396 AGATCATCTTTCTGGGCTCAAGGCCTAGGACATCAGGACCACTCTGCAGGACACACCGTC 455

Qy       1200 TGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGC 1259
              |  | |  || |||||||| |||||||||||||| |   ||||||| | |||||| ||
Db        456 TATCGCGTCGATACTGGCAGATGCGGCCCCTGTTCCAACAGCTGCTGGTGAACCATGCAG 515

Qy       1260 AGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAG 1319
              ||||||  || |     ||||||| | | || |||  | | ||| | ||   |   |  |
Db        516 AGTGCCAATATGTCAGACTCCTCAGGTCACATTGCAGGTTTCGAACAGCAAACCAACAGG 575

Qy       1320 CAGCCGGTGTCT 1331
                 | | ||  ||
Db        576 TGACAGATGCCT 587
```

```
RESULT 42
BU122597
LOCUS       BU122597                 875 bp    mRNA    linear   EST 25-NOV-2002
DEFINITION  603148441F1 CSEQCHL18 Gallus gallus cDNA clone ChEST151a12 5', mRNA
            sequence.
ACCESSION   BU122597
VERSION     BU122597.1  GI:25332991
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Gallus gallus (chicken)
  ORGANISM  Gallus gallus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Archosauria; Aves; Neognathae; Galliformes; Phasianidae;
            Phasianinae; Gallus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 875)
  AUTHORS   Boardman,P.E., Sanz-Ezquerro,J., Overton,I.M., Burt,D.W., Bosch,E.,
            Fong,W.T., Tickle,C., Brown,W.R.A., Wilson,S.A. and Hubbard,S.J.
  TITLE     A Comprehensive Collection of Chicken cDNAs
  JOURNAL   Curr. Biol. 12 (22), 1965-1969 (2002)
  MEDLINE   22335534
   PUBMED   12445392
COMMENT     Contact: Simon Hubbard
            Department of Biomolecular Sciences
            University of Manchester Institute of Science and Technology
            (UMIST)
            PO Box 88, Manchester, M60 1QD, UK
            Tel: 01612008930
            Fax: 01612360409
            Email: Simon.Hubbard@umist.ac.uk.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .875
                     /organism="Gallus gallus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="Compton Line 15I"
                     /db_xref="taxon:9031"
                     /clone="ChEST151a12"
                     /sex="Female"
                     /dev_stage="adult"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="CSEQCHL18"
                     /note="Organ: small intestine; Vector: pBluescript II
                     KS(+); Site_1: EcoRI; Site_2: NotI; Modification of
                     pBluescript II KS(+) [Stratagene] vector to accommodate
                     cDNA produced with the T-trimmed protocol (Construction of
                     uni-directionally cloned cDNA libraries from messenger RNA
                     for improved 3' end DNA sequencing by Glenn Fu, et al.
                     U.S. Patent # 6,387,624). Cut pBluescript II KS(+) with
                     NotI and EcoRI. Ligate in double stranded adaptor
                     containing BsgI and BamHI sites
                     [5'ggccgcgtgcagccccggatccgaaaaaaag]
                     [5'aattcttttttttcggatccggggctgcacgc]"
ORIGIN

  Query Match             3.2%;  Score 128.8;  DB 5;  Length 875;
  Best Local Similarity   58.0%;  Pred. No. 4.4e-16;
  Matches  246;  Conservative    0;  Mismatches  177;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy        166 GCTGGTGCAGCGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTG 225
              | || |||    |||  |||  |    |    | |||   |   | ||| | |||||| |||||||
Db        165 GGTGCTGCGAGGCGACGACGCTCAGTGCTACCGGACCTTCGTGTCGCAGTGCGTGGTGTG 224

Qy        226 CGTGCCCTGGGACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCT 285
              ||| ||| |  |   || ||  |     ||||     ||  || |||||   |||  | ||| |  |
Db        225 CGTCCCCCGCGGTGCTCGCGCCATCCCCCGGCCCATCTGCTTCCAGCAGTTATCCAGTCA 284

Qy        286 GAAGGAGCTGGTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCT 345
              ||  ||   |   |   |   || |   | ||||||||||| ||           ||||||   | ||
Db        285 GAGCGAAGTCATCACAAGAATCGTTCAGAGGCTGTGTGAAAAGAAAAAGAAGAAGATCCT 344

Qy        346 GGCCTTCGGCTTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCAC 405
              |||  |   || | | |  ||||||| | |    |    |   |    |             |  |
Db        345 TGCGTATGGATACTCCTTGCTGGATGAGAACAGTTGTCACTTCAGAGTTTTGCCATCTTC 404

Qy        406 CAGCGTGCGCAGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTG 465
               |   |     |||||| ||| |||| ||| || || ||   |   | |||    || ||     ||
Db        405 GTGTATATACAGCTATCTGTCCAATACTGTAACAGAAACGATTCGGATCAGTGGCCTCTG 464

Qy        466 GGGGCTGCTGCTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGC-TGCG 524
              || | | ||||||  |    |  | || ||||||||| ||  |    ||||||||   | | || |
Db        465 GGAGATACTGCTGAGTAGGATAGGGGACGACGTGATGATGTACCTGCTGGAGCACGTGTG 524

Qy        525 CGCTCTTTGTGCTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCCGCCGCTGTACC 584
               | |||||  ||||||   | || ||     |     ||||||| ||||||     |   | ||
Db        525 CACTCTTCATGCTGGTTCCCCCAAGTAACTGTTACCAGGTCTGCGGGCAAGCAATTTATG 584

Qy        585 AGCT 588
               | ||
Db        585 AACT 588


RESULT 43
CN505902
LOCUS       CN505902                 846 bp    mRNA    linear   EST 28-APR-2004
DEFINITION  AGENCOURT_22432746 NIH_ZGC_7 Danio rerio cDNA clone IMAGE:7267941
            5', mRNA sequence.
ACCESSION   CN505902
VERSION     CN505902.1  GI:46818526
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Danio rerio (zebrafish)
  ORGANISM  Danio rerio
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Ostariophysi;
            Cypriniformes; Cyprinidae; Danio.
REFERENCE   1  (bases 1 to 846)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Daniela S. Gerhard, Ph.D.
            Office of Cancer Genomics
            National Cancer Institute / NIH
            Bldg. 31 Rm10A07 Bethesda, MD 20892
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Len Zon, Harvard
             cDNA Library Preparation: Open Biosystems
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Agencourt Bioscience Corporation
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
            Plate: LLAM15246  row: h  column: 19
            High quality sequence start: 21
            High quality sequence stop: 756.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .846
                     /organism="Danio rerio"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:7955"
                     /clone="IMAGE:7267941"
                     /tissue_type="whole body"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NIH_ZGC_7"
                     /note="Vector: pExpress1; Site_1: NotI; Site_2: EcoRV;
                     Bulk tissue was collected from a whole adult individual
                     from the Tuebingen strain. 1st strand cDNA was primed with
                     a Not I - oligo(dT) primer, double-stranded cDNA was
                     cloned into the Not I and EcoRV sites of pExpress-1.
                     Library was size-selected for >1 kb fragments and
                     normalized. A non-normalized version of this library is
                     also available (NIH_ZGC_10). Library was constructed by
                     Open Biosystems (Huntsville, AL)"
ORIGIN

  Query Match             3.2%;  Score 128;  DB 7;  Length 846;
  Best Local Similarity   57.3%;  Pred. No. 6.5e-16;
  Matches  252;  Conservative    0;  Mismatches  185;  Indels    3;  Gaps    1;
```

```
Qy       2463 GTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGGCA 2522
              | | | ||||| | ||||||         |   |  ||   ||| || | |    |
Db         97 GAGACGTCTTCCAGTTCTTCCAGAAGATGCTCAGCAGTTACGTCATCCATTACGACCAGC 156

Qy       2523 AGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTGCA 2582
              ||   |  |   |||          ||||||||||||||||       | ||  | ||||| || |
Db        157 AGATGTTCCGGCAGGTGTGTGGGATCCCGCAGGGCTCTTCTGTGTCTTCTCTGCTGTGTA 216

Qy       2583 GCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTGC 2642
                ||||| |||||  |||||||||     |||  |    ||  ||        |  |||   |
Db        217 ATCTGTGTTACGGACACATGGAGAAAGCCCTGCTGAAGGACATCGCTAAAGGAGGGTGTC 276

Qy       2643 TCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAACCT 2702
              |  || |  || | ||||||||  ||| |   | || ||||| || |     | || | |   |
Db        277 TGATGAGGCTGATTGATGATTTTTTGCTCATTACTCCTCATCTGAGTAAAGCCACAGAGT 336

Qy       2703 TCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGA 2762
              | || |  || ||  |      || || || || || || || |||   | |  |||    | ||||
Db        337 TTCTGACCACTCTTCTGTCTGGAGTTCCAGATTACGGTTGCCAGATTAACCCTCAGAAGG 396

Qy       2763 CAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGC 2822
                | ||||||||||| ||     ||  ||      |   |||   |  |     |   | |||
Db        397 TGGCGGTGAACTTCCCGGT---GTGTGTGTCCTGGGTAAACTCGGGCGTCTCTGTGCTGC 453

Qy       2823 CGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGC 2882
              || ||   | |||| ||||||||||||||| || || |    | || |   || ||||| ||
Db        454 CGTCCAGCTGCCTGTTCCCCTGGTGCGGCTTGATGATACACACACACACGCTGGACGTCT 513

Qy       2883 AGAGCGACTACTCCAGCTAT 2902
              | |  ||||||||   | |||
Db        514 ATAAAGACTACTCACGGTAT 533
```

RESULT 44
BG198331/c

```
LOCUS       BG198331                 813 bp    mRNA    linear   EST 21-APR-2001
DEFINITION  RST17589 Athersys RAGE Library Homo sapiens cDNA, mRNA sequence.
ACCESSION   BG198331
VERSION     BG198331.1  GI:13720018
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 813)
  AUTHORS   Harrington,J.J., Sherf,B., Rundlett,S., Jackson,P.D., Perry,R.,
            Cain,S., Leventhal,C., Thornton,M., Ramachandran,R.,
            Whittington,J., Lerner,L., Costanzo,D., McElligott,K., Boozer,S.,
            Mays,R., Smith,E., Veloso,N., Klika,A., Hess,J., Cothren,K., Lo,K.,
            Offenbacher,J., Danzig,J. and Ducar,M.
  TITLE     Creation of genome-wide protein expression libraries using random
            activation of gene expression
  JOURNAL   Nat. Biotechnol. 19 (5), 440-445 (2001)
  MEDLINE   21227151
   PUBMED   11329013
COMMENT     Contact: Scott J. Cain
            Athersys, Inc.
            3201 Carnegie Ave, Cleveland, OH 44115, USA
            Tel: 216 431 9900
            Fax: 216 361 9596
            Email: scain@athersys.com
            High quality sequence stop: 533.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .813
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /cell_line="HT1080"
                     /clone_lib="Athersys RAGE Library"
                     /note="See 'Creation of Genome-wide Protein Expression
                     Libraries using Random Activation of Gene Expression',
                     Nature Biotechnology, in press. Note that even though the
                     cell type indicated is HT1080, since a random activation
                     method was used, these sequence tags are not necessarily
                     expressed in HT1080 under normal circumstances."
ORIGIN

  Query Match             3.1%;  Score 123.8;  DB 4;  Length 813;
  Best Local Similarity   94.1%;  Pred. No. 4.9e-15;
  Matches  128;  Conservative    0;  Mismatches    8;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       3083 TACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCC 3142
                | ||||||||||||||||||| ||| |||||||||||||| |||||||| |||||||||
Db        749 TTCAGGTTTCACGCATGTGTGGTGCGGCTCCCATTTCATCATCAAGTTTGAAAGAACCCC 690

Qy       3143 ACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCC 3202
              |||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        689 ACATTTTTCNTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCC 630

Qy       3203 AAGAACGCAGGGATGT 3218
              |||||||||| || |
Db        629 AAGAACGCAGGTATTT 614
```

RESULT 45
CA353864

```
LOCUS       CA353864                 632 bp    mRNA    linear   EST 05-NOV-2002
DEFINITION  625469 NCCCWA 1RT Oncorhynchus mykiss cDNA clone 1RT74012_C_H06 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   CA353864
VERSION     CA353864.1  GI:24599035
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Oncorhynchus mykiss (rainbow trout)
  ORGANISM  Oncorhynchus mykiss
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Euteleostei;
            Protacanthopterygii; Salmoniformes; Salmonidae; Oncorhynchus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 632)
  AUTHORS   Rexroad,C.E. 3rd, Lee,Y., Keele,J.W., Karamycheva,S., Brown,G.,
            Koop,B., Gahr,S.A., Palti,Y. and Quackenbush,J.
  TITLE     Sequence analysis of a rainbow trout cDNA library and creation of a
            gene index
  JOURNAL   Cytogenet. Genome Res. 102 (1-4), 347-354 (2003)
COMMENT     Contact: Rexroad CE
            USDA, ARS, National Center for Cool and Cold Water Aquaculture
            11876 Leetown Road, Kearneysville, WV 25430, USA
            Tel: 304 724 8340 x2129
            Fax: 304 725 0351
            Email: crexroad@ncccwa.ars.usda.gov
            Single pass sequencing. Bases called with phred v0.020425.c and
            trimmed with the aid of the trim_alt option. Vector identified by
            cross_match v0.990329.
            Seq primer: AGCGGATAACAATTTCACACAGGA.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .632
                     /organism="Oncorhynchus mykiss"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:8022"
                     /clone="1RT74012_C_H06"
                     /tissue_type="pooled"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCCCWA 1RT"
                     /note="Vector: pCMV SPORT6; Site_1: NotI; Site_2: SalI;
                     Library made from pooled tissue from brain, gill, liver,
                     spleen, muscle, and kidney."
ORIGIN

  Query Match             2.9%;  Score 116.8;  DB 6;  Length 632;
  Best Local Similarity   59.2%;  Pred. No. 1.4e-13;
  Matches  218;  Conservative    0;  Mismatches  147;  Indels    3;  Gaps    1;

Qy       2417 GATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAGCAGTGGCCTCTTCGAC 2476
              ||||||  |   |   ||||||   | ||||    ||           |||   |  | |||| ||
Db         62 GATGCCATACTGGGGGAGCAGCATTTCTCCACAGATATTCATGGCAAAGACGTCTTGGAG 121

Qy       2477 GTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGGCAAGTCCTACGTCCAG 2536
```

```
Db        122 GTCTTGACCCAGATGCTCTCTAGCTGAGTTGACCAGCTTGGGAAGAAATCGTTCCGTCAG 181

Qy       2537 TGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTGCAGCCTGTGCTACGGC 2596

Db        182 GGTCAGGGGATTCCTCAGGGGTCCGCGGAGTCGTCTCTGCTGGGCTGCCTCTGTTACGGG 241

Qy       2597 GACATGGAGAACAAGCTGTTTGC---GGGGATTCGGCGGGACGGCTGCTCCTGCGTTTG 2653

Db        242 CACATGGAGAACCTTCTGTTTCCTAACGTCAGACGGCGAGGAGGGTGTCTGATGAGACTG 301

Qy       2654 GTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAACCTTCCTCAGGACC 2713

Db        302 GATGACGATTTCCTCCTCATCACTCCTGACCTGAGCCAGGCACAGACCTTCCTCAAGACC 361

Qy       2714 CTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAGTGGTGAAC 2773

Db        362 CTGATGGCGGGGGTACCACGGTACGGGTGTGTGGAGAACCCCCAGAAGGTGGCTGTTAAC 421

Qy       2774 TTCCCTGT 2781

Db        422 TTCCCTTT 429
```

```
RESULT 46
BX889962
LOCUS       BX889962                 724 bp    mRNA    linear   EST 27-JUL-2004
DEFINITION  BX889962 tcbk Oncorhynchus mykiss cDNA clone tcbk0041c.i.20 5prim,
            mRNA sequence.
ACCESSION   BX889962
VERSION     BX889962.2  GI:43411444
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Oncorhynchus mykiss (rainbow trout)
  ORGANISM  Oncorhynchus mykiss
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Euteleostei;
            Protacanthopterygii; Salmoniformes; Salmonidae; Oncorhynchus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 724)
  AUTHORS   Govoroun,M., Guiguen,Y. and Le Gac,F.
  TITLE     Construction and primary characterization of normalized cDNA
            libraries in rainbow trout, Oncorhynchus mykiss
  JOURNAL   Unpublished (2003)
COMMENT     On Dec 18, 2003 this sequence version replaced gi:40140362.
            Contact: Guiguen Y
            INRA - SCRIBE
            Campus de beaulieu, RENNES cedex, 35042, France
            Tel: 02.23.48.50.09
            Fax: 02.23.48.50.20
            Email: Yann.Guiguen@beaulieu.rennes.inra.fr
            Sequence cleaned of vector, adaptator and repetitions. Contact us
            at sigenasupport@jouy.inra.fr to obtain the chromatogram of this
            sequence.
            Plate: 0041  row: i  column: 20
            Seq primer: M13R.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..724
                     /organism="Oncorhynchus mykiss"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:8022"
                     /clone="tcbk0041c.i.20"
                     /tissue_type="multi-tissues"
                     /dev_stage="from embryos to adults"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="tcbk"
                     /note="Vector: pT7T3D-pac; AGENAE Rainbow trout
                     multi-tissues - normalized + 2 subtractions; Clone
                     distribution : AGENAE Resource centre. Francois PIUMI,
                     Francois.Piumi@jouy.inra.fr, INRA, CEA Radiobiologie et
                     Etude du genome (LREG), Domaine de Vilvert, 78352,
                     Jouy-en-Josas cedex, FRANCE, +33 (0) 1.34.65.28.02, +33
                     (0) 1.34.65.22.73"
ORIGIN
```

```
  Query Match             2.9%;  Score 115.8;  DB 5;  Length 724;
  Best Local Similarity   52.9%;  Pred. No. 2.2e-13;
  Matches  370;  Conservative    0;  Mismatches  287;  Indels   42;  Gaps    4;

Qy       1528 CAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAA 1587

Db         19 CAGGAACTTCCTGTCCATGGGCAAGTTTGAGAGGATGTCATTGGCTGAGCTGATGTGGAA 78

Qy       1588 GATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGC 1647

Db         79 GATGAAGGTGAATGACTGTGATTGGCTGAAGATCAGCAAGACAGGCCGCTG---CCCGCC 135

Qy       1648 CGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGT 1707

Db        136 CAGTGAGCTGTCGTATCGGACGCGGGTGCTAGGCCAGCTCCTGGCTTGGCTGCTGGATGG 195

Qy       1708 GTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAA 1767

Db        196 CTATGTGCTAGGCCTGGTGAGAGCTATGTTCTACGTCACAGAGAGCATGGGACAGAAGAA 255

Qy       1768 CAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACA 1827

Db        256 CGCACTGCGCTTCTACAGATACCAGGTCTGGGCCAAGCTGCAGGAGCTGGCTTTCAGTGG 315

Qy       1828 GCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGA 1887

Db        316 TCACCTCTCTAAAGGTCAGATGTCAGAGTTGACCCTGGCCCAGGTGACGTCGCTCCCCAA 375

Qy       1888 AGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCG 1947

Db        376 AACCACTGTCCCC---------TCCCGCCTCCGCTTCATCCCCAAGACCGAAGGGATGAG 426

Qy       1948 GCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGC 2007

Db        427 ACCCATCACACGGGTCATAGGGGCTGACGCCAAAACAAGGTT------------------ 468

Qy       2008 CGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCG 2067

Db        469 ------GTTCCAGACCCGTGTGAAGGAGCTGTTAGATGTGCTAGGTGTCTGTGTACGGTC 522

Qy       2068 GCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGGCCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCG 2127

Db        523 CTCTCCCTCTCTCCTGGGCTCTACAGTGTGGGGGTTGACCGACATCCACAGAGTCCTCTC 582

Qy       2128 CACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGT 2187

Db        583 TTCCATCACCCCTGCTCAG------AAAGACAAACCACAGCGGCTCTACTTTGTCAAGGT 636

Qy       2188 GGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCAGGACAG 2226

Db        637 GGATGTGAGTGGGGCCTATGACAGTCTACCCACACTCAG 675
```

```
RESULT 47
BX882610
LOCUS       BX882610                 646 bp    mRNA    linear   EST 20-JUL-2004
DEFINITION  BX882610 tcbk Oncorhynchus mykiss cDNA clone tcbk0060c.h.01 5prim,
            mRNA sequence.
ACCESSION   BX882610
VERSION     BX882610.2  GI:42815406
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Oncorhynchus mykiss (rainbow trout)
  ORGANISM  Oncorhynchus mykiss
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Euteleostei;
            Protacanthopterygii; Salmoniformes; Salmonidae; Oncorhynchus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 646)
  AUTHORS   Govoroun,M., Guiguen,Y. and Le Gac,F.
  TITLE     Construction and primary characterization of normalized cDNA
            libraries in rainbow trout, Oncorhynchus mykiss
  JOURNAL   Unpublished (2003)
COMMENT     On Dec 18, 2003 this sequence version replaced gi:40127495.
            Contact: Guiguen Y
```

```
            INRA - SCRIBE
            Campus de beaulieu, RENNES cedex, 35042, France
            Tel: 02.23.48.50.09
            Fax: 02.23.48.50.20
            Email: Yann.Guiguen@beaulieu.rennes.inra.fr
            Sequence cleaned of vector, adaptator and repetitions. Contact us
            at sigenasupport@jouy.inra.fr to obtain the chromatogram of this
            sequence.
            Plate: 0060  row: h  column: 1
            Seq primer: M13R.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..646
                     /organism="Oncorhynchus mykiss"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:8022"
                     /clone="tcbk0060c.h.01"
                     /tissue_type="multi-tissues"
                     /dev_stage="from embryos to adults"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="tcbk"
                     /note="Vector: pT7T3D-pac; AGENAE Rainbow trout
                     multi-tissues - normalized + 2 subtractions; Clone
                     distribution : AGENAE Resource centre. Francois PIUMI,
                     Francois.Piumi@jouy.inra.fr, INRA, CEA Radiobiologie et
                     Etude du genome (LREG), Domaine de Vilvert, 78352,
                     Jouy-en-Josas cedex, FRANCE, +33 (0) 1.34.65.28.02, +33
                     (0) 1.34.65.22.73"
ORIGIN

  Query Match             2.9%;  Score 114.8;  DB 5;  Length 646;
  Best Local Similarity   55.2%;  Pred. No. 3.6e-13;
  Matches  224;  Conservative    0;  Mismatches  182;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       3052 CAACATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCT 3111
              |||||||| ||| |   |  |||||| |||| |||||| || || ||||  | |     |
Db          2 CAACATCTATAAGTTAGTGTTGCTGCACGCGTTCAGGTTCCATGCCTGTGCACAGAGTTT 61

Qy       3112 CCCATTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACAC 3171
                || |||  |||| ||||  |      |||| | | |  |||||       | ||||  |||
Db         62 GCCGTTTGGTCAGAAAGTGGGCGGAAACCACTCGTACTTCCTCAATCTGATCTGGGACTT 121

Qy       3172 GGCCTCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAA 3231
              |||         |  | | ||    |   | | | |   |   |||  |||  |||| || ||     ||
Db        122 GGCGGAGTACACCAACCATCTAGTCAGACTCTGCAACAAAGGTGTGTCTCTAGGCTGTAA 181

Qy       3232 GGGCGCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCT 3291
              ||         | ||    || |  |   ||||| ||   |    | | | |   |  || |||||
Db        182 GGCTTTAACAGGTAGCCTTCAGTATGAGGCAGTAGAACTGATATACTGTCTGGCCTTCCT 241

Qy       3292 GCTCAAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGC 3351
              | |      ||| | || || ||    |  ||||    |  ||||| |    | ||  | |||
Db        242 GTTGGTTCTGTCCCGTCATCGCCCCCTCTACTACCATCTCCTCGCTCCGCTACGCACACG 301

Qy       3352 CCAGACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGC 3411
                 ||| | |||||     ||||||   |||   ||   || |       |        || ||
Db        302 TAAGAGGAAGCTGGAGGGGAAGCTGGAGGGTTTGAGATTGGCCCGAATCAGACAGGCTGC 361

Qy       3412 CAACCCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGG 3457
                || ||    | ||||   |||||||||| |||||| || ||    ||
Db        362 CACACCCAAAATGCCTGAAGACTTCAAGGCCATCCAGGCCTAGAGG 407


RESULT 48
BX315053
LOCUS       BX315053                 731 bp    mRNA    linear   EST 14-MAY-2004
DEFINITION  BX315053 tcay Oncorhynchus mykiss cDNA clone tcay0029b.n.21 5prim,
            mRNA sequence.
ACCESSION   BX315053
VERSION     BX315053.2  GI:42620226
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Oncorhynchus mykiss (rainbow trout)
  ORGANISM  Oncorhynchus mykiss
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Euteleostei;
            Protacanthopterygii; Salmoniformes; Salmonidae; Oncorhynchus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 731)
  AUTHORS   Govoroun,M., Guiguen,Y. and Le Gac,F.
  TITLE     Construction and primary characterization of normalized cDNA
            libraries in rainbow trout, Oncorhynchus mykiss
  JOURNAL   Unpublished (2003)
COMMENT     On Apr 7, 2003 this sequence version replaced gi:29595698.
            Contact: Guiguen Y
            INRA - SCRIBE
            Campus de beaulieu, RENNES cedex, 35042, France
            Tel: 02.23.48.50.09
            Fax: 02.23.48.50.20
            Email: Yann.Guiguen@beaulieu.rennes.inra.fr
            Sequence cleaned of vector, adaptator and repetitions. Contact us
            at sigenasupport@jouy.inra.fr to obtain the chromatogram of this
            sequence.
            Plate: 0029  row: n  column: 21
            Seq primer: M13R.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..731
                     /organism="Oncorhynchus mykiss"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:8022"
                     /clone="tcay0029b.n.21"
                     /tissue_type="adipose tissue, blood, brain,
                     differentiating gonads, gills, interrenal, intestine,
                     kidney, liver, muscle, ovary, pituitary, testis"
                     /dev_stage="from embryos to adults"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="tcay"
                     /note="Vector: pT7T3D-pac; Rainbow trout multi-tissues -
                     normalized + 1 subtraction (tcay) ; Clone distribution :
                     AGENAE Resource centre. Francois PIUMI,
                     Francois.Piumi@jouy.inra.fr, INRA, CEA Radiobiologie et
                     Etude du genome (LREG), Domaine de Vilvert, 78352,
                     Jouy-en-Josas cedex, France, +33 (0) 1.34.65.28.02, +33
                     (0) 1.34.65.22.73"
ORIGIN

  Query Match             2.9%;  Score 114.8;  DB 5;  Length 731;
  Best Local Similarity   55.2%;  Pred. No. 3.6e-13;
  Matches  224;  Conservative    0;  Mismatches  182;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       3052 CAACATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCT 3111
              |||||||| ||| |   |  |||||| |||| |||||| || || ||||  | |     |
Db          2 CAACATCTATAAGTTAGTGTTGCTGCACGCGTTCAGGTTCCATGCCTGTGCACAGAGTTT 61

Qy       3112 CCCATTTCATCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACAC 3171
                || |||  |||| ||||  |      |||| | | |  |||||       | ||||  |||
Db         62 GCCGTTTGGTCAGAAAGTGGGCGGAAACCACTCGTACTTCCTCAATCTGATCTGGGACTT 121

Qy       3172 GGCCTCCCTCTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAA 3231
              |||         |  | | ||    |   | | | |   |   |||  |||  |||| || ||     ||
Db        122 GGCGGAGTACACCAACCATCTAGTCAGACTCTGCAACAAAGGTGTGTCTCTAGGCTGTAA 181

Qy       3232 GGGCGCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCT 3291
              ||         | ||    || |  |   ||||| ||   |    | | | |   |  || |||||
Db        182 GGCTTTAACAGGTAGCCTTCAGTATGAGGCAGTAGAACTGATATACTGTCTGGCCTTCCT 241

Qy       3292 GCTCAAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGC 3351
              | |      ||| | || || ||    |  ||||    |  ||||| |    | ||  | |||
Db        242 GTTGGTTCTGTCCCGTCATCGCCCCCTCTACTACCATCTCCTCGCTCCGCTACGCACACG 301

Qy       3352 CCAGACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGC 3411
                 ||| | |||||     ||||||   |||   ||   || |       |        || ||
Db        302 TAAGAGGAAGCTGGAGGGGAAGCTGGAGGGTTTGAGATTGGCCCGAATCAGACAGGCTGC 361

Qy       3412 CAACCCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGG 3457
                || ||    | ||||   |||||||||| |||||| || ||    ||
Db        362 CACACCCAAAATGCCTGAAGACTTCAAGGCCATCCAGGCCTAGAGG 407
```

```
RESULT 49
BX521269
LOCUS       BX521269                 568 bp    mRNA    linear   EST 27-JUN-2003
DEFINITION  BX521269 Sugano mouse kidney mkia Mus musculus cDNA clone
            IMAGp998M035892 ; IMAGE:2373290, mRNA sequence.
ACCESSION   BX521269
VERSION     BX521269.1  GI:32295739
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 568)
  AUTHORS   Heil,O., Ebert,L., Neubert,P., Peters,M., Radelof,U., Schneider,D.
            and Korn,B.
  TITLE     Mouse UnigeneSet - RZPD2
  JOURNAL   Unpublished (2003)
COMMENT     Contact: Ina Rolfs
            RZPD Deutsches Ressourcenzentrum fuer Genomforschung GmbH
            Im Neuenheimer Feld 580, D-69120 Heidelberg, Germany
            RZPD; IMAGp998M035892.
            RZPDLIB; I.M.A.G.E. cDNA Clone Collection;
            Mouse UnigeneSet - RZPD2 (RZPDLIB No.981)
            http://www.rzpd.de/CloneCards/cgi-
            bin/showLib.pl.cgi/response?libNo=981 Contact: Ina Rolfs
            RZPD Deutsches Ressourcenzentrum fuer Genomforschung GmbH
            Heubnerweg 6, D-14059 Berlin, Germany
            Tel: +49 30 32639 101
            Fax: +49 30 32639 111
            www.rzpd.de
            This clone is available royalty-free from RZPD;
            contact RZPD (clone@rzpd.de) for further information. Seq primer:
            sugF, Primer sequence: CTTCTGCTCTAAAAGCTGCG.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .568
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGp998M035892 ; IMAGE:2373290"
                     /sex="female"
                     /dev_stage="adult"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="Sugano mouse kidney mkia"
                     /note="Organ: kidney; Vector: pME18S-FL3; Site_1: DraIII
                     (CACTGTGTG); Site_2: DraIII (CACCATGTG); 1st strand cDNA
                     was primed with an oligo(dT) primer
                     [ATGTGGCCTTTTTTTTTTTTTTTTT]; double-stranded cDNA was
                     ligated to a  DraIII adaptor [TGTTGGCCTACTGG], digested
                     and cloned into distinct DraIII sites of the pME18S-FL3
                     vector (5' site CACTGTGTG, 3' site CACCATGTG). XhoI should
                     be used to isolate the cDNA insert.  Size selection was
                     performed to exclude fragments <1.5kb.  Library
                     constructed by Dr. Sumio Sugano (University of Tokyo
                     Institute of Medical Science).  Custom primers  for
                     sequencing: 5' end primer CTTCTGCTCTAAAAGCTGCG and 3' end
                     primer CGACCTGCAGCTCGAGCACA."
ORIGIN

  Query Match             2.8%;  Score 113.4;  DB 5;  Length 568;
  Best Local Similarity   69.9%;  Pred. No. 6.8e-13;
  Matches  153;  Conservative    0;  Mismatches   66;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       3236 GCCGCCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTC 3295
Db        143 GCCTCTGGCTCCTTTCCTCCTGAAGCCGCACATTGGCTCTGCTACCAGGCCTTCCTGCTC 202

Qy       3296 AAGCTGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAG 3355
Db        203 AAGCTGGCTGCTCATTCTGTCATCTACAAATGTCTCCTGGGACCTCTGAGGACAGCCCAA 262

Qy       3356 ACGCAGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAAC 3415
Db        263 AAACTGCTGTGCCGGAAGCTCCCAGAGGCGACAATGACCATCCTTAAAGCTGCAGCTGAC 322

Qy       3416 CCGGCACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGA 3454
Db        323 CCAGCCCTAAGCACAGACTTTCAGACCATTTTGGACTAA 361

RESULT 50
AG363333
LOCUS       AG363333                2332 bp    DNA     linear   GSS 03-JUN-2004
DEFINITION  Mus musculus molossinus DNA, clone:MSMg01-165A22.TJ, genomic survey
            sequence.
ACCESSION   AG363333
VERSION     AG363333.1  GI:47974538
KEYWORDS    GSS.
SOURCE      Mus musculus molossinus
  ORGANISM  Mus musculus molossinus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Hattori,M., Toyoda,A., Noguchi,H., Kojima,T. and Sakaki,Y.
  TITLE     BAC end Sequences of Library MSMg01
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 2332)
  AUTHORS   Hattori,M., Toyoda,A., Noguchi,H., Kojima,T. and Sakaki,Y.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (17-NOV-2003) Masahira Hattori, The Institute of Physical
            and Chemical Research (RIKEN), Genomic Sciences Center (GSC);
            1-7-22 Suehiro-chou,Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa 230-0045, Japan
            (E-mail:hattori@gsc.riken.jp, URL:http://hgp.gsc.riken.go.jp/,
            Tel:81-45-503-9111, Fax:81-45-503-9170)
COMMENT     Clones are derived from the mouse BAC library MSMg01. For BAC
            library availability, please contact Kuniya Abe (abe@rtc.riken.jp).
            Tsukuba Institude, Bio Resource Center,
            The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN) 3-1-1
            Koyadai, Tsukuba, 305-0074 Japan
            phone: 81-298-36-9189, fax: 81-298-36-9199
            e-mail: abe@rtc.riken.jp
            PRIMERS
            Sequencing : TJ
            LIBRARY
            Vector     : pBACe3.6
            R.Site 1   : EcoRI
            R.Site 2   : EcoRI.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .2332
                     /organism="Mus musculus molossinus"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /sub_species="molossinus"
                     /db_xref="taxon:57486"
                     /clone="MSMg01-165A22.TJ"
                     /sex="male"
                     /tissue_type="mixture of kidney and spleen"
                     /clone_lib="MSMg01 Mouse Male BAC Library"
ORIGIN

  Query Match             2.8%;  Score 112.4;  DB 9;  Length 2332;
  Best Local Similarity   43.7%;  Pred. No. 1.4e-12;
  Matches  679;  Conservative    0;  Mismatches  864;  Indels   10;  Gaps    4;

Qy          7 CTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCCGCGCGC 66
Db        695 CCGCGGCATGCCGCCGGCCCGCTCGCCGGCGGCGCCGGCGCGCGGCGCGCGCGCGCGCGG 754

Qy         67 TCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCTGCCGCT 126
Db        755 CGTCCGCGGCGGCGCCGCGCGCGGCGCGCCGCGGGACGCNGCGCGCGCCGCGCGTCCGGT 814

Qy        127 GGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGGGACCC 186
Db        815 GCGGCGGCGCCGGGCGCGCGCGGCGCCCGGCGCCGGCGCGCACCCGCGGCGCGCGCGCGG 874

Qy        187 GGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGCACGGCC 246
```

```
Db      875 CGGGTGGCGCCGCG-GCGCGCGGCGGNGCGCNCCGCCCGCGCCGCGCGGCGCGCGCGCCG 933
Qy      247 GC-CCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGCCCGAG 305
Db      934 GCGCGCGCGGCGGGGCGGCGGCGCCGCGCCGGGCGGCCCCGCCGCGGCCGGCGACGCGGC 993
Qy      306 TGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGCGCTGC 365
Db      994 CGCCGCGCGCCGGCGCGGCGCGCCGCCCGGCCCGCGCGCCCTCGCCGGCGTGGCGCCGCG 1053
Qy      366 TGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTACCTGC 425
Db     1054 CGGCCGCCCGCGCCCCGGCCGGCCCGCCGCCCCCGCGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGCAC 1113
Qy      426 CCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCGCCGCG 485
Db     1114 CCCCCCCCCCGCCCCGCCCCCTGCGTCCCGCGGCGGGGCGCGGCGCCCCGCCGGGGGCCC 1173
Qy      486 TGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGTGGCTC 545
Db     1174 GCCCCGCCGGCGCCCGCGCCCCCCGCCCGCCCGCCCGAGGGGGGGGGGGGGCGGGCCC 1233
Qy      546 CCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCACTCAGG 605
Db     1234 CCCCCCGCCCCCCCCGGGTGCGCCGGCCGCCGCCGCCCCCGCCGCCGGCGCGGGCCCGG 1293
Qy      606 CCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGCCTGGA 665
Db     1294 CCGCGCCGGCGCGGGGGCGCGCCGGCGCCCCGCCCGCGCGCGCCGGCCGCCCGGCCGCC 1353
Qy      666 ACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAGGAGGC 725
Db     1354 CCCCCCGGGGCGCGCGCGCCCCCGGCCGGCGCCGCCGGGGGCGCCGGGGCGCGGCGGCG 1413
Qy      726 GCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGCTGCCC 785
Db     1414 GCCCCCGGCCCCCGCCGGCCCGCCGCCCGCCGCGCGGCCGCGGCCGCGGGCGCGCGGCGC 1473
Qy      786 CTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGACGCGTG 845
Db     1474 GGGGCCC---CCGGCCGCCGGTGCGGCCGCCGCGGGGCGGCGGCCGGCGGCCCGCCCCGG 1530
Qy      846 GACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGCCACCT 905
Db     1531 CCCGCCGCGCCGGGCCCCGCCCGGGGGGCCCGCGCGGCCGCCCCGGCCGGCCGGCCGCCC 1590
Qy      906 CTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCAGCACC 965
Db     1591 GCGGCCGGCGCGGGGGACGCGCCCCGGCGCGCGGGCGCCCGGCCGCGCGCCGCCGCGCCC 1650
Qy      966 ACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCCCCCGG 1025
Db     1651 CCCCGCGCCCGCCGGCGCGGCCGCCGGCGGCGCCGCGCGCGCCCCCGCGGCGGCCGCCCG 1710
Qy     1026 TGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCGGCCCT 1085
Db     1711 GCCCCCCGCCGCCGCCCGGGGCGCGACCGCGCCCCGGGCCCCCGGGTCGGCCCCGCGGCC 1770
Qy     1086 CCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGAGACCA 1145
Db     1771 GGCGCGCGCGCGCCCGGGCCCGCGCCCCCGCCGCCGGGCCCCTCCCCGCCGCGCCGCGCG 1830
Qy     1146 TCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCTGCCCC 1205
Db     1831 CGCGCCCGCCGGCTCGCCCGGCGCGCGCGGCGGCCCCGCGCGCGCCCGCCCGGCGCGCGC 1890
Qy     1206 AGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCAGTGCC 1265
Db     1891 CCCGCGCGCCGCCGCGGCGGGCCCGCCCGCGCCGCCCCGGCGCGGGCGCCGCGAGCGCCC 1950
Qy     1266 CCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGCAGCCG 1325
Db     1951 CGCGCCGCGCGCGCCGCCCGCCGCGCCGCGCGCGCGCCGCCGCCGGGGCCCGCGCGGCCG 2010
Qy     1326 GTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGG-----GCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
Db     2011 CCGGCGGCCCGCCCGCCCGCCCCCGGCGCGCCGGCGGGCGCCGGCCCGCCCGCGCGCGG 2070
Qy     1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
Db     2071 CGCCCGCGCCCGCCCGCGCCGGGCCGCGCGCGGCCGGCGCGGCCGCGCCGCGGCCGGGCC 2130
Qy     1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
Db     2131 CCGCGGCGGCCGGCGCGCGCCGCGCGCGGCGGCGGCCGCGGGCGCCGGCCGCCGCCCCGC 2190
Qy     1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGC 1553
Db     2191 CGGCGCGGGCCCGGGCGCGGGGCCCGGCGCGGGGTGCCCGCCCCCGGCGCCGC 2243
```

Search completed: October 28, 2004, 18:35:29
Job time : 11555 secs

c DNA

```
                    GenCore version 5.1.6
           Copyright (c) 1993 - 2004  Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on:         October 29, 2004, 08:05:50 ; Search time 11551 Seconds
                                             (without alignments)
                                             12666.048 Million cell updates/sec

Title:          US-10-044-692-1
Perfect score:  4015
Sequence:       1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGC..........TTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015

Scoring table:  IDENTITY_NUC
                Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched:       32822875 seqs, 18219865908 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      65645750

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       EST:*
                1:  gb_est1:*
                2:  gb_est2:*
                3:  gb_htc:*
                4:  gb_est3:*
                5:  gb_est4:*
                6:  gb_est5:*
                7:  gb_est6:*
                8:  gb_gss1:*
                9:  gb_gss2:*

     Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
     score greater than or equal to the score of the result being printed,
     and is derived by analysis of the total score distribution.

                              SUMMARIES
                   %
Result           Query
  No.    Score   Match Length DB  ID                    Description
------------------------------------------------------------------------------
     1    1584    39.5   1826  9  AY407349              AY407349 Homo sapi
     2  1308.6    32.6   1584  9  AY407350              AY407350 Pan trogl
     3   911.4    22.7   1835  9  AY407351              AY407351 Mus muscu
     4     806    20.1    925  4  BM453198              BM453198 AGENCOURT
     5   500.2    12.5    851  5  BU702370              BU702370 UI-M-FI0-
c    6   465.4    11.6    468  2  AW270031              AW270031 xv57e03.x
     7     445    11.1    492  4  BM824748              BM824748 K-EST0096
     8     419    10.4    851  4  BG917907              BG917907 602820830
c    9     416    10.4    416  2  AW276315              AW276315 xr10b12.x
    10   385.8     9.6    389  1  AA281296              AA281296 zt08g02.r
    11   381.4     9.5    409  7  CN274427              CN274427 170005313
    12   346.2     8.6    688  7  CF531121              CF531121 UI-M-FY0-
    13   340.4     8.5    649  7  CF531069              CF531069 UI-M-FY0-
    14     322     8.0    599  2  BB618671              BB618671 BB618671
    15   317.8     7.9    664  5  BQ258274              BQ258274 NISC_kp11
c   16   305.4     7.6    340  1  AA811084              AA811084 oa85c05.s
    17   290.8     7.2    614  2  BB651920              BB651920 BB651920
c   18   284.4     7.1    315  1  AA748707              AA748707 ny02e05.s
    19     267     6.7    866  2  BE371943              BE371943 601217728
    20   252.2     6.3    715  2  BE396925              BE396925 601290610
    21   249.6     6.2    409  1  AA311750              AA311750 EST182469
    22   248.8     6.2    679  2  BE396606              BE396606 601289077
    23   243.2     6.1    649  2  BE514070              BE514070 601316575
    24     243     6.1    610  2  BE514188              BE514188 601316376
    25     214     5.3    344  7  CF531258              CF531258 UI-M-FY0-
    26   208.6     5.2    779  2  BE268183              BE268183 601125261
    27   203.8     5.1    336  6  BY775178              BY775178 BY775178
    28   203.2     5.1    343  6  BY783093              BY783093 BY783093
    29   200.6     5.0    338  6  BY784804              BY784804 BY784804
    30   192.2     4.8    326  5  BY149368              BY149368 BY149368
    31   189.2     4.7    753  5  BU452535              BU452535 603767927
    32   186.8     4.7   1424  3  CR688161              CR688161 Tetraodon
c   33   182.6     4.5    347  2  AW244516              AW244516 BR_END06B
    34   180.2     4.5    880  5  BU377259              BU377259 603811228
    35   167.6     4.2    775  4  BI388013              BI388013 BFL26_002
    36   162.4     4.0    703  5  BX886589              BX886589 BX886589
    37   155.4     3.9    619  7  CK392784              CK392784 K0850A03-
    38   154.8     3.9    696  5  BU139751              BU139751 603134527
    39   150.4     3.7    668  6  CA380121              CA380121 659344 NC
c   40     140     3.5    148  1  AI824948              AI824948 wb04c01.x
    41     132     3.3    641  8  AZ972318              AZ972318 2M0246F07
    42   128.8     3.2    875  5  BU122597              BU122597 603148441
    43     128     3.2    846  7  CN505902              CN505902 AGENCOURT
c   44   123.8     3.1    813  4  BG198331              BG198331 RST17589
    45   116.8     2.9    632  6  CA353864              CA353864 625469 NC

                              ALIGNMENTS

RESULT 1
AY407349
LOCUS       AY407349                1826 bp    DNA     linear   GSS 15-DEC-2003
DEFINITION  Homo sapiens TERT gene, VIRTUAL TRANSCRIPT, partial sequence,
            genomic survey sequence.
ACCESSION   AY407349
VERSION     AY407349.1  GI:39763320
KEYWORDS    GSS.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1826)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Inferring nonneutral evolution from human-chimp-mouse orthologous
            gene trios
  JOURNAL   Science 302 (5652), 1960-1963 (2003)
   PUBMED   14671302
REFERENCE   2  (bases 1 to 1826)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (16-NOV-2003) Celera Genomics, 45 West Gude Drive,
            Rockville, MD 20850, USA
COMMENT     This sequence was made by sequencing genomic exons and ordering
            them based on alignment.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..1826
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
     gene            <1..>1826
                     /gene="TERT"
                     /locus_tag="HCM2861"
ORIGIN

  Query Match             39.5%;  Score 1584;  DB 9;  Length 1826;
  Best Local Similarity   86.7%;  Pred. No. 0;
  Matches 1584;  Conservative    0;  Mismatches  242;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1629 GGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCC 1688
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db          1 GGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCC 60

Qy       1689 TGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGG 1748
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 TGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGG 120

Qy       1749 AGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGC 1808
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 AGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGC 180

Qy       1809 AAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGCAG 1868
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 AAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGCAG 240

Qy       1869 AGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCGCTTCATCC 1928
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 AGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCGCTTCATCC 300

Qy       1929 CCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGCCAGAACGT 1988
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGCCAGAACGT 360

Qy       1989 TCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTTCAGCGTGC 2048
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 TCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTTCAGCGTGC 420

Qy       2049 TCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGGCCTGGACG 2108
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 TCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGGCCTGGACG 480

Qy       2109 ATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCCGCCGCCTG 2168
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 ATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCCGCCGCCTG 540

Qy       2169 AGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCAGGACAGGC 2228
              |||||||||||||||||
Db        541 AGCTGTACTTTGTCAAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 600

Qy       2229 TCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCGTCGGTATG 2288

Db        601 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 660

Qy       2289 CCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCACGTCTCTA 2348
                                                                 |||||||
Db        661 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTCTCTA 720

Qy       2349 CCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGAGACCAGCC 2408
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 CCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGAGACCAGCC 780

Qy       2409 CGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAGCAGTGGCC 2468
              |||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 CGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 840

Qy       2469 TCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGGCAAGTCCT 2528
                                                                   |||||
Db        841 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTCCT 900

Qy       2529 ACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTGCAGCCTGT 2588
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 ACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTGCAGCCTGT 960

Qy       2589 GCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTGCTCCTGC 2648
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTGCTCCTGC 1020

Qy       2649 GTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAACCTTCCTCA 2708
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 GTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAACCTTCCTCA 1080

Qy       2709 GGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAGTGG 2768
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAGTGG 1140

Qy       2769 TGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGCCGGCCC 2828
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 TGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGCCGGCCC 1200

Qy       2829 ACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGCG 2888
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 ACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGCG 1260

Qy       2889 ACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTCA 2948
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 ACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTCA 1320

Qy       2949 AGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGCC 3008
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGCC 1380

Qy       3009 TGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATCC 3068
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 TGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATCC 1440

Qy       3069 TCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAAG 3128
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 TCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAAG 1500

Qy       3129 TTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTACT 3188
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 TTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTACT 1560

Qy       3189 CCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGCCGGCCCTC 3248
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGCCGGCCCTC 1620

Qy       3249 TGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCTGACTCGAC 3308
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 TGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCTGACTCGAC 1680

Qy       3309 ACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCAGCTGAGTC 3368
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 ACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCAGCTGAGTC 1740

Qy       3369 GGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGCACTGCCCT 3428
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 GGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGCACTGCCCT 1800

Qy       3429 CAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGA 3454
              ||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGA 1826


RESULT 2
AY407350
LOCUS       AY407350                1584 bp    DNA     linear   GSS 15-DEC-2003
DEFINITION  Pan troglodytes TERT gene, VIRTUAL TRANSCRIPT, partial sequence,
            genomic survey sequence.
ACCESSION   AY407350
VERSION     AY407350.1  GI:39763321
KEYWORDS    GSS.
SOURCE      Pan troglodytes (chimpanzee)
  ORGANISM  Pan troglodytes
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Pan.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1584)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Inferring nonneutral evolution from human-chimp-mouse orthologous
            gene trios
  JOURNAL   Science 302 (5652), 1960-1963 (2003)
   PUBMED   14671302
REFERENCE   2  (bases 1 to 1584)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
```

```
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (16-NOV-2003) Celera Genomics, 45 West Gude Drive,
            Rockville, MD 20850, USA
COMMENT     This sequence was made by sequencing genomic exons and ordering
            them based on alignment.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .1584
                     /organism="Pan troglodytes"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:9598"
     gene            <1. .>1584
                     /gene="TERT"
                     /locus_tag="HCM2861"
ORIGIN

  Query Match             32.6%;  Score 1308.6;  DB 9;  Length 1584;
  Best Local Similarity   83.1%;  Pred. No. 2e-262;
  Matches 1317;  Conservative    0;  Mismatches  267;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1629 GGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCC 1688
              |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GGGTTGGCTCTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCT 60

Qy       1689 TGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGG 1748
              |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 TGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTTGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGG 120

Qy       1749 AGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGC 1808
              ||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 AGACCACGTTTCAGAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGC 180

Qy       1809 AAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGCAG 1868
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 AAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGCAG 240

Qy       1869 AGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCGCTTCATCC 1928
              ||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 AGGTCAGGCAGCATCAGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCGCTTCATCC 300

Qy       1929 CCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGCCAGAACGT 1988
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGCCAGAACGT 360

Qy       1989 TCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTTCAGCGTGC 2048
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 TCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTTCAGCGTGC 420

Qy       2049 TCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGGCCTGGACG 2108
              |||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 TCANNNACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGGCCTGGACG 480

Qy       2109 ATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCCGCCGCCTG 2168
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 ATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCCGCCGCCTG 540

Qy       2169 AGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCAGGACAGGC 2228
              |||||||||||||||||
Db        541 AGCTGTACTTTGTCAAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 600

Qy       2229 TCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCGTCGGTATG 2288

Db        601 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 660

Qy       2289 CCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCACGTCTCTA 2348
                                                                    |||||||
Db        661 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTCTCTA 720

Qy       2349 CCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGAGACCAGCC 2408
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 CCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGAGACCAGCC 780

Qy       2409 CGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAGCAGTGGCC 2468
              | |||||||||||||| ||||||||||
Db        781 CACTGAGGGATGCCGTCATCATCGAGCAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 840

Qy       2469 TCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGGCAAGTCCT 2528
                                                                     |||||
Db        841 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTCCT 900

Qy       2529 ACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTGCAGCCTGT 2588
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Db        901 ACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTGTCCACGCTGCTCTGCAGCCTGT 960

Qy       2589 GCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTGCTCCTGC 2648
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTGCTCCTGC 1020

Qy       2649 GTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAACCTTCCTCA 2708
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db       1021 GTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAGCCTTCCTCA 1080

Qy       2709 GGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAGTGG 2768
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Db       1081 NGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAGTAG 1140

Qy       2769 TGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGCCGGCCC 2828
              ||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db       1141 TGAACTTCCCTGTAGAAGATGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGCTGCCGGCCC 1200

Qy       2829 ACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGCG 2888
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Db       1201 ACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGACACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGCG 1260

Qy       2889 ACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTCA 2948
              ||||||||||||||||||||||||||||||     |||||||||||||||||||||||||
Db       1261 ACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCNNNNCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTCA 1320

Qy       2949 AGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGCC 3008
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGCC 1380

Qy       3009 TGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATCC 3068
              ||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||||
Db       1381 TGTTTCTGGATTTGCAGNTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAANNTCC 1440

Qy       3069 TCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAAG 3128
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 TCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAAG 1500

Qy       3129 TTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTACT 3188
              |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 TTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCATCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTACT 1560

Qy       3189 CCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAG 3212
              ||||||||||||||||||||||||
Db       1561 CCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAG 1584


RESULT 3
AY407351
LOCUS       AY407351                1835 bp    DNA     linear   GSS 15-DEC-2003
DEFINITION  Mus musculus TERT gene, VIRTUAL TRANSCRIPT, partial sequence,
            genomic survey sequence.
ACCESSION   AY407351
VERSION     AY407351.1  GI:39763322
KEYWORDS    GSS.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1835)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
```

```
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Inferring nonneutral evolution from human-chimp-mouse orthologous
            gene trios
  JOURNAL   Science 302 (5652), 1960-1963 (2003)
   PUBMED   14671302
REFERENCE   2  (bases 1 to 1835)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (16-NOV-2003) Celera Genomics, 45 West Gude Drive,
            Rockville, MD 20850, USA
COMMENT     This sequence was made by sequencing genomic exons and ordering
            them based on alignment.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..1835
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:10090"
     gene            <1..>1835
                     /gene="TERT"
                     /locus_tag="HCM2861"
ORIGIN

  Query Match             22.7%;  Score 911.4;  DB 9;  Length 1835;
  Best Local Similarity   64.7%;  Pred. No. 1.8e-179;
  Matches 1188;  Conservative    0;  Mismatches  638;  Indels    9;  Gaps    3;

Qy       1629 GGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCC 1688
Db          1 GGAAGGACCGTGTCCCCGCTGCAGAGCACCGTCTGAGGGAGAGGATCCTGGCTACGTTCC 60

Qy       1689 TGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGG 1748
Db         61 TGTTCTGGCTGATGGACACATACGTGGTACAGCTGCTTAGGTCATTCTTTTACATCACAG 120

Qy       1749 AGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGC 1808
Db        121 AGAGCACATTCCAGAAGAACAGGCTCTTCTTCTACCGTAAGAGTGTGTGGAGCAAGCTGC 180

Qy       1809 AAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTCGGAAGCAG 1868
Db        181 AGAGCATTGGAGTCAGGCAACACCTTGAGAGAGTGCGGCTACGGGAGCTGTCACAAGAGG 240

Qy       1869 AGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCGCTTCATCC 1928
Db        241 AGGTCAGGCATCACCAGGACACCTGGCTAGCCATGCCCATCTGCAGACTGCGCTTCATCC 300

Qy       1929 CCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGCCAGAACGT 1988
Db        301 CCAAGCCCAACGGCCTGCGGCCCATTGTGAACATGAGTTATAGCATGGGTACCAGAGCTT 360

Qy       1989 TCCGCAG-AGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTTCAGCGTG 2047
Db        361 TGGGCAGAAGGAAGCAGGGCCCAGCATTTCACCCAGCGTCTCAAGACTCTCTTCAGCATG 420

Qy       2048 CTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGGCCTGGAC 2107
Db        421 CTCAACTATGAGCGGACAAAACATCCTCACCTTATGGGGTCTTCTGTACTGGGTATGAAT 480

Qy       2108 GATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCCGCCGCCT 2167
Db        481 GACATCTACAGGACCTGGCGGGCCTTTGTGCTGCGTGTGCGTGCTCTGGACCAGACACCC 540

Qy       2168 GAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCAGGACAGG 2227
Db        541 AGGATGTACTTTGTTAAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 600

Qy       2228 CTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCGTCGGTAT 2287
Db        601 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 660

Qy       2288 GCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCACGTCTCT 2347
Db        661 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTCACC 720

Qy       2348 ACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAG------GAG 2401
Db        721 ACCCTCTCTGACCTCCAGCCATACATGGGCCAGTTCCTTAAGCATCTGCAGGATTCAGAT 780

Qy       2402 ACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAGC 2461
Db        781 GCCAGTGCACTGAGGAACTCCGTTGTCATCGAGCAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 840

Qy       2462 AGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGGC 2521
Db        841 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 900

Qy       2522 AAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTGC 2581
Db        901 NNGTGCTATACGCAGTGCCAGGGCATCCCCCAGGGCTCCAGCCTATCCACCCTGCTCTGC 960

Qy       2582 AGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTG 2641
Db        961 AGTCTGTGTTTCGGAGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCTGAGGTGCAGCGGGATGGGTTG 1020

Qy       2642 CTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAACC 2701
Db       1021 CTTTTACGTTTTGTTGATGACTTTCTGTTGGTGACGCCTCACTTGGACCAAGCAAAAACC 1080

Qy       2702 TTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAG 2761
Db       1081 TTCCTCAGCACCCTGGTCCATGGCGTTCCTGAGTATGGGTGCATGATAAACTTGCAGAAG 1140

Qy       2762 ACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATG 2821
Db       1141 ACAGTGGTGAACTTCCCTGTGGAGCCTGGTACCCTGGGTGGTGCAGCTCCATACCAGCTG 1200

Qy       2822 CCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTG 2881
Db       1201 CCTGCTCACTGCCTGTTTCCCTGGTGTGGCTTGCTGCTGGACACTCAGACTTTGGAGGTG 1260

Qy       2882 CAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGC 2941
Db       1261 TTCTGTGACTACTCAGGTTATGCCCAGACCTCAATTAAGACGAGCCTCACCTTCCAGAGT 1320

Qy       2942 GGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGT 3001
Db       1321 GTCTTCAAAGCTGGGAAGACCATGCGGAACAAGCTCCTGTCGGTCTTGCGGTTGAAGTGT 1380

Qy       3002 CACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTAC 3061
Db       1381 CACGGTCTATTTCTAGACTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACAGTCTGCATCAATATATAC 1440

Qy       3062 AAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCAT 3121
Db       1441 AAGATCTTCCTGCTTCAGGCCTACAGGTTCCATGCATGTGTGATTCAGCTTCCCTTTGAC 1500

Qy       3122 CAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTC 3181
Db       1501 CAGCGTGTTAGGAAGAACCTCACATTCTTTCTGGGCATCATCTCCAGCCAAGCATCCTGC 1560

Qy       3182 TGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGG--GGGCCAAGGGCGCCG 3239
Db       1561 TGCTATGCTATCCTGAAGGTCAAGAATCCAGTGATCCCCCAGGAATGACACTAAAGGCCT 1620

Qy       3240 CCGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGC 3299
Db       1621 CTGGCTCCTTTCCTCCTGAAGCCGCACATTGGCTCTGCTACCAGGCCTTCCTGCTCAAGC 1680

Qy       3300 TGACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGC 3359
Db       1681 TGGCTGCTCATTCTGTCATCTACAAATGTCTCCTGGGACCTCTGAGGACAGCCCAAAAAC 1740
```

```
Qy       3360 AGCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGG 3419
               |||| | ||||||||||| | | ||||  ||||   |||  | || |||||  |||| |
Db       1741 TGCTGTGCCGGAAGCTCCCAGAGGCGACAATGACCATCCTTAAAGCTGCAGCTGACCCAG 1800

Qy       3420 CACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGA 3454
              | ||   | |||||||  |||||||  |||||| |
Db       1801 CCCTAAGCACAGACTTTCAGACCATTTTGGACTAA 1835

RESULT 4
BM453198
LOCUS       BM453198                 925 bp    mRNA    linear   EST 05-FEB-2002
DEFINITION  AGENCOURT_6387556 NIH_MGC_71 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5529840
            5', mRNA sequence.
ACCESSION   BM453198
VERSION     BM453198.1  GI:18502238
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 925)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: ATCC
             cDNA Library Preparation: Life Technologies, Inc.
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Agencourt Bioscience Corporation
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
            Plate: LLAM12208  row: p  column: 01
            High quality sequence stop: 646.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .925
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:5529840"
                     /tissue_type="leiomyosarcoma"
                     /lab_host="DH10B (phage-resistant)"
                     /clone_lib="NIH_MGC_71"
                     /note="Organ: uterus; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1: NotI;
                     Site_2: SalI; Cloned unidirectionally.  Primer: Oligo dT.
                     Average insert size 2.1 kb.  "
ORIGIN

  Query Match             20.1%;  Score 806;  DB 4;  Length 925;
  Best Local Similarity   99.2%;  Pred. No. 1.7e-157;
  Matches  821;  Conservative    0;  Mismatches    5;  Indels    2;  Gaps    1;

Qy       2149 GGCCCAGGACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGA 2208
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2 GGCCCAGGACCCGCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGA 61

Qy       2209 CACCATCCCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACAC 2268
              |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         62 CACCATTCCCCAGGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACAC 121

Qy       2269 GTACTGCGTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGC 2328
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        122 GTACTGCGTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGC 181

Qy       2329 CTTCAAGAGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGC 2388
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        182 CTTCAAGAGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGC 241

Qy       2389 TCACCTGCAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCT 2448
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        242 TCACCTGCAGGAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCT 301

Qy       2449 GAATGAGGCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGT 2508
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        302 GAATGAGGCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGT 361

Qy       2509 GCGCATCAGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTC 2568
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        362 GCGCATCAGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTC 421

Qy       2569 CACGCTGCTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCG 2628
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        422 CACGCTGCTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCG 481

Qy       2629 GCGGGACGGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCAC 2688
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        482 GCGGGACGGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCAC 541

Qy       2689 CCACGCGAAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGT 2748
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        542 CCACGCGAAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGT 601

Qy       2749 GAACTTGCGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGC 2808
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        602 GAACTTGCGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGC 661

Qy       2809 TTTTGTTCAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCG 2868
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        662 TTTTGTTCAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCG 721

Qy       2869 GACCCTGGAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCT 2928
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        722 GACCCTGGAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCT 781

Qy       2929 CACCTTCAACCGCGGCTTCAA--GGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAA 2974
              |||||||||||||||||||||  |   || ||||||||||||||||||
Db        782 CACCTTCAACCGCGGCTTCAAAGGCTGGGAAGGAACATGCGTCGCAAA 829

RESULT 5
BU702370
LOCUS       BU702370                 851 bp    mRNA    linear   EST 15-JUL-2003
DEFINITION  UI-M-FI0-byx-f-12-0-UI.r1 NIH_BMAP_FI0 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:6400523 5', mRNA sequence.
ACCESSION   BU702370
VERSION     BU702370.1  GI:23627105
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 851)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Dr. Jim Lin, University of Iowa
             cDNA Library preparation: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             cDNA Library Arrayed by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             DNA Sequencing by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             Clone Distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
             This clone was contributed by the Brain Molecular Anatomy Project
            (BMAP)
            Seq primer: pYX-5.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .851
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:6400523"
```

```
                     /tissue_type="whole brain"
                     /dev_stage="embryo 12.5dpc"
                     /lab_host="DH10B (T1 phage resistant)"
                     /clone_lib="NIH_BMAP_FI0"
                     /note="Organ: Brain; Vector: pYX- Asc; Site_1: EcoR I;
                     Site_2: Not I; The library was constructed according
                     Bonaldo, Lennon and Soares, Genome Research, 6:791-806,
                     1996. Denatured RNA was size fractionated on a 1% agarose
                     gel.First strand cDNA synthesis was primed with oligo-dT
                     primer containing a Not I site. Double strand cDNA was
                     size selected according to mRNA size fraction, ligated
                     with EcoR I adaptor, digested with NotI and then cloned
                     directionally into pYX-Asc vector. The library tag
                     sequence located between the Not I site and the polyA tail
                     is CAGCCACGAC. This library was created for the University
                     Iowa Brain Anatomy Project (BMAP): 'Gene Discovery in the
                     Developing Mouse Nervous System', supported by National
                     Institute of Mental Health (NIMH), Hemin Chin, Ph.D.,
                     program coordinator."
ORIGIN

  Query Match             12.5%;  Score 500.2;  DB 5;  Length 851;
  Best Local Similarity   75.1%;  Pred. No. 1.2e-93;
  Matches  638;  Conservative    0;  Mismatches  206;  Indels    6;  Gaps    1;

Qy       2262 AGAACACGTACTGCGTGCGTCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCC 2321
Db          1 AGCGCACGTACTGTATCCGCCAGTATGCAGTGGTCCGGAGAGATAGCCAAGGCCAAGTCC 60

Qy       2322 GCAAGGCCTTCAAGAGCCACGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGT 2381
Db         61 ACAAGTCCTTTAGGAGACAGGTCACCACCCTCTCTGACCTCCAGCCATACATGGGCCAGT 120

Qy       2382 TCGTGGCTCACCTGCAG------GAGACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGC 2435
Db        121 TCCTTAAGCATCTGCAGGATTCAGATGCCAGTGCACTGAGGAACTCCGTTGTCATCGAGC 180

Qy       2436 AGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAGCAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGT 2495
Db        181 AGAGCATCTCTATGAATGAGAGCAGCAGCAGCCTGTTTGACTTCTTCCTGCACTTCCTGC 240

Qy       2496 GCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGGCAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGG 2555
Db        241 GTCACAGTGTCGTAAAGATTGGTGACAGGTGCTATACGCAGTGCCAGGGCATCCCCCAGG 300

Qy       2556 GCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTGCAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGT 2615
Db        301 GCTCCAGCCTATCCACCCTGCTCTGCAGTCTGTGTTTCGGAGACATGGAGAACAAGCTGT 360

Qy       2616 TTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCTGCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGA 2675
Db        361 TTGCTGAGGTGCAGCGGGATGGGTTGCTTTTACGTTTTGTTGATGACTTTCTGTTGGTGA 420

Qy       2676 CACCTCACCTCACCCACGCGAAAACCTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGT 2735
Db        421 CGCCTCACTTGGACCAAGCAAAAACCTTCCTCAGCACCCTGGTCCATGGCGTTCCTGAGT 480

Qy       2736 ATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCC 2795
Db        481 ATGGGTGCATGATAAACTTGCAGAAGACAGTGGTGAACTTCCCTGTGGAGCCTGGTACCC 540

Qy       2796 TGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGC 2855
Db        541 TGGGTGGTGCAGCTCCATACCAGCTGCCTGCTCACTGCCTGTTTCCCTGGTGTGGCTTGC 600

Qy       2856 TGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCA 2915
Db        601 TGCTGGACACTCAGACTTTGGAGGTGTTCTGTGACTACTCAGGTTATGCCCAGACCTCAA 660

Qy       2916 TCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAAC 2975
Db        661 TTAAGACGAGCCTCACCTTCCAGAGTGTCTTCANAGCTGGGAAGACCATGCGGAACANGC 720

Qy       2976 TCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCC 3035
Db        721 TCCTGTCGGTCTTGCGGTTGAAGTGTCACGGTCTATTTCTAGACTTGCAGGTGAACAGCC 780

Qy       3036 TCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACG 3095
Db        781 TCCAGACAGTCTGCATCAATATATACAAGATCTTCCTGCTTCANGGCTACAGGTTCCATG 840

Qy       3096 CATGTGTGCT 3105
Db        841 CATGTGTGAT 850


RESULT 6
AW270031/c
LOCUS       AW270031                 468 bp    mRNA    linear   EST 03-JAN-2000
DEFINITION  xv57e03.x1 NCI_CGAP_Lu28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2817244 3',
            mRNA sequence.
ACCESSION   AW270031
VERSION     AW270031.1  GI:6657061
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 468)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP),
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Chris Moskaluk, M.D., Ph.D., Michael R.
            Emmert-Buck, M.D., Ph.D. cDNA Library Preparation: Life
            Technologies, Inc. cDNA Library Arrayed by: Christa Prange, The
            I.M.A.G.E. Consortium DNA Sequencing by: Washington University
            Genome Sequencing Center
             Clone distribution: NCI-CGAP clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            www-bio.llnl.gov/bbrp/image/image.html
            Seq primer: -40UP from Gibco
            High quality sequence stop: 416.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..468
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:2817244"
                     /tissue_type="two pooled squamous cell carcinomas"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_Lu28"
                     /note="Organ: lung; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1: SalI;
                     Site_2: NotI; Cloned unidirectionally.  Primer: Oligo dT.
                     Library constructed by Life Technologies."
ORIGIN

  Query Match             11.6%;  Score 465.4;  DB 2;  Length 468;
  Best Local Similarity   99.6%;  Pred. No. 2e-86;
  Matches  466;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       3543 CACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTGCA 3602
Db        468 CACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTGCA 409

Qy       3603 TGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCTGA 3662
Db        408 TGTCCGGTTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCTGA 349

Qy       3663 GTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCAGG 3722
Db        348 GTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCNCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCAGG 289

Qy       3723 GCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCCCC 3782
```

```
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          288 GCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCCCC 229

Qy         3783 AGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCACCCCCACCATCCAG 3842
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          228 AGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCACCCCCACCATCCAG 169

Qy         3843 GTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTGCC 3902
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          168 GTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTGCC 109

Qy         3903 CTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGGGA 3962
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          108 CTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGGGA 49

Qy         3963 GGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAA 4010
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           48 GGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAA 1


RESULT 7
BM824748
LOCUS       BM824748                 492 bp    mRNA    linear   EST 06-MAR-2002
DEFINITION  K-EST0096335 S22SNU16n1 Homo sapiens cDNA clone S22SNU16n1-99-E07
            5', mRNA sequence.
ACCESSION   BM824748
VERSION     BM824748.1  GI:19181161
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 492)
  AUTHORS   Kim,N.S., Hahn,Y., Oh,J.H., Lee,J.Y., Ahn,H.Y., Chu,M.Y., Kim,M.R.,
            Oh,K.J., Cheong,J.E., Sohn,H.Y., Kim,J.M., Park,H.S., Kim,S. and
            Kim,Y.S.
  TITLE     21C Frontier Korean EST Project 2001
  JOURNAL   Unpublished (2002)
COMMENT     Contact: Kim YS
            Genome Research Center
            Korea Research Institute of Bioscience & Biotechnology
            52 Eoeun-dong Yuseong-gu, Daejeon 305-333, South Korea
            Tel: +82-42-860-4470
            Fax: +82-42-860-4409
            Email: yongsung@mail.kribb.re.kr
            Plate: 99  row: E  column: 07
            High quality sequence stop: 492.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..492
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="S22SNU16n1-99-E07"
                     /sex="F"
                     /tissue_type="Ascites"
                     /cell_type="Lymphoblast-like"
                     /cell_line="SNU-16"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="S22SNU16n1"
                     /note="Organ: Stomach; Vector: pT7T3-Pac; Site_1: EcoRI;
                     Site_2: NotI; The S22SNU16 library was contributed by the
                     Soares laboratory and it was constructed as described by
                     Bonaldo, M.F., Lennon, G. and Soares, M.B. (1996), Genome
                     Research 6(9): 791-806. RNA was prepared from harvested
                     cells of SNU-16 culture. SNU-16 cell was obtained from
                     Korean Cell Line Bank (KCLB). SNU-16 was established from
                     ascitic fluids of Korean patients by Park J.G. et al.
                     (1990), Cancer Res 50: 2773-2780."
ORIGIN

  Query Match             11.1%;  Score 445;  DB 4;  Length 492;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 3.7e-82;
  Matches  445;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy         2768 GTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGCCGGCC 2827
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            1 GTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGCCGGCC 60

Qy         2828 CACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGC 2887
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           61 CACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGC 120

Qy         2888 GACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTC 2947
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          121 GACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTC 180

Qy         2948 AAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGC 3007
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          181 AAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGC 240

Qy         3008 CTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATC 3067
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          241 CTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATC 300

Qy         3068 CTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAA 3127
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          301 CTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAA 360

Qy         3128 GTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTAC 3187
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          361 GTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTAC 420

Qy         3188 TCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAG 3212
                |||||||||||||||||||||||||
Db          421 TCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAG 445


RESULT 8
BG917907
LOCUS       BG917907                 851 bp    mRNA    linear   EST 05-JUN-2001
DEFINITION  602820830F1 NCI_CGAP_Mam6 Mus musculus cDNA clone IMAGE:4949887 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   BG917907
VERSION     BG917907.1  GI:14298383
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 851)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Jeffrey Green M.D.
             cDNA Library Preparation: Life Technologies, Inc.
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Incyte Genomics, Inc.
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
            Plate: LLAM10903  row: k  column: 08
            High quality sequence stop: 753.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..851
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="FVB/N"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:4949887"
                     /sex="female, virgin"
                     /tissue_type="infiltrating ductal carcinoma"
                     /dev_stage="5 months"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_Mam6"
```

```
                    /note="Organ: mammary; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1: SalI;
                    Site_2: NotI; Cloned unidirectionally.  Primer: Oligo dT.
                    Library constructed by Life Technologies. Investigator
                    providing samples: Jeffrey Green, M.D., NIH"
ORIGIN

  Query Match             10.4%;  Score 419;  DB 4;  Length 851;
  Best Local Similarity   71.9%;  Pred. No. 1.1e-76;
  Matches  579;  Conservative    0;  Mismatches  215;  Indels   11;  Gaps    2;

Qy       2651 TTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAACCTTCCTCAGG 2710
Db         38 TTGTGTGATGACTTTCTGTAGGTGACGCCTCACTTGGACCAAGCAAAAACCTTCCTCAGC 97

Qy       2711 ACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAAGACAGTGGTG 2770
Db         98 ACCCTGGTCCATGGCGTTCCTGAGTATGGGTGCATGATAAACTTGCAGAAGACAGTGGTG 157

Qy       2771 AACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGATGCCGGCCCAC 2830
Db        158 AACTTCCCTGTGGAGCCTGGTACCCTGGGTGGTGCAGCTCCATACCAGCTGCCTGCTCAC 217

Qy       2831 GGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGTGCAGAGCGAC 2890
Db        218 TGCCTGTTTCCCTGGTGTGGCTTGCTGCTGGACACTCAGACTCTGGAGGTGTTCTGTGAC 277

Qy       2891 TACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCGCGGCTTCAAG 2950
Db        278 TACTCAGGTTATGCCCAGACCTCAATTAAGACGAGCCTCACCTTCCAGAGTGTCTTCAAA 337

Qy       2951 GCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTGTCACAGCCTG 3010
Db        338 GCTGGGAAGACCATGCGGAACAAGCTCCTGTCGGTCTTGCGGTTGAAGTGTCACGGTCTA 397

Qy       3011 TTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTACAAGATCCTC 3070
Db        398 TTTCTAGACTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACAGTCTGCATCAATATATACAAGATCTTC 457

Qy       3071 CTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCATCAGCAAGTT 3130
Db        458 CTGCTTCAGGCCTACAGGTTCCATGCATGTGTGATTCAGCTTCCCTTTGACCAGCGTGTT 517

Qy       3131 TGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCTCTGCTACTCC 3190
Db        518 AGGAAGAACCTCACATTCTTTCTGGGCATCATCTCCAGCCAAGCATCCTGCTGCTATGCT 577

Qy       3191 ATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGCCGGCCCTCTG 3250
Db        578 ATCCTGAAGGTCAAGAATCCAGGAATGACACTAAAGGCCTCTGGCTC----------CTT 627

Qy       3251 CCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCT-GCTCAAGCTGACTCGACA 3309
Db        628 TCCTCCTGAAGCCGACATTGGCTCTGCTACCAGGCCTTCCTGGCTCAAGCTGGCTGCTCA 687

Qy       3310 CCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCAGCTGAGTCG 3369
Db        688 TTCTGTCATCTACAAATGTCTCCTGGGACCTCTGAGGACAGCCCAAAAACCGCTGTGCCG 747

Qy       3370 GAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGCACTGCCCTC 3429
Db        748 GAAGCTCGCAGAGGCGACAATGACCATGCTTACAGCTGCAGCTGACCCAGACCTAAGGAC 807

Qy       3430 AGACTTCAAGACCATCCTGGACTGA 3454
Db        808 AGACTTTCAGGACCATTGGGACTAA 832


RESULT 9
AW276315/c
LOCUS       AW276315                 416 bp    mRNA    linear   EST 03-JAN-2000
DEFINITION  xr10b12.x1 NCI_CGAP_Lu28 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2759711 3',
            mRNA sequence.
ACCESSION   AW276315
VERSION     AW276315.1  GI:6663345
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 416)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP),
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Chris Moskaluk, M.D., Ph.D., Michael R.
            Emmert-Buck, M.D., Ph.D. cDNA Library Preparation: Life
            Technologies, Inc. cDNA Library Arrayed by: Christa Prange, The
            I.M.A.G.E. Consortium DNA Sequencing by: Washington University
            Genome Sequencing Center
             Clone distribution: NCI-CGAP clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            www-bio.llnl.gov/bbrp/image/image.html
            Seq primer: -40UP from Gibco
            High quality sequence stop: 413.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..416
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:2759711"
                     /tissue_type="two pooled squamous cell carcinomas"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_Lu28"
                     /note="Organ: lung; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1: SalI;
                     Site_2: NotI; Cloned unidirectionally.  Primer: Oligo dT.
                     Library constructed by Life Technologies."
ORIGIN

  Query Match             10.4%;  Score 416;  DB 2;  Length 416;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 4.1e-76;
  Matches  416;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       3594 AGGCCTGCATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCC 3653
Db        416 AGGCCTGCATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCC 357

Qy       3654 AAGGGCTGAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTC 3713
Db        356 AAGGGCTGAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTC 297

Qy       3714 CACCCCAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAG 3773
Db        296 CACCCCAGGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAG 237

Qy       3774 TCCATCCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCC 3833
Db        236 TCCATCCCCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCC 177

Qy       3834 ACCATCCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAA 3893
Db        176 ACCATCCAGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAA 117

Qy       3894 AGGTGTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAA 3953
Db        116 AGGTGTGCCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAA 57

Qy       3954 TTGGGGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGA 4009
Db         56 TTGGGGGGAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGA 1


RESULT 10
AA281296
LOCUS       AA281296                 389 bp    mRNA    linear   EST 14-AUG-1997
```

```
DEFINITION  zt08g02.r1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:712562 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   AA281296
VERSION     AA281296.1  GI:1924194
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 389)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP),
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            This clone is available royalty-free through LLNL ; contact the
            IMAGE Consortium (info@image.llnl.gov) for further information.
            Insert Length: 2187   Std Error: 0.00
            Seq primer: -28m13 rev2 ET from Amersham
            High quality sequence stop: 385.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..389
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:712562"
                     /tissue_type="germinal center B cell"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_GCB1"
                     /note="Vector: pT7T3D-Pac (Pharmacia) with a modified
                     polylinker; Site_1: Not I; Site_2: Eco RI; 1st strand cDNA
                     was prepared from human tonsillar cells enriched for
                     germinal center B cells by flow sorting (CD20+, IgD-),
                     provided by Dr. Louis M. Staudt (NCI), Dr. David Allman
                     (NCI) and Dr. Gerald Marti (CBER).  cDNA synthesis was
                     primed with a Not I - oligo(dT) primer
                     [5'-TGTTACCAATCTGAAGTGGGAGCGGCCGCCTCATTTTTTTTTTTTTTTTTT-3'
                     ]. Double-stranded cDNA was ligated to Eco RI adaptors
                     (Pharmacia), digested with Not I and cloned into the Not I
                     and Eco RI sites of the modified pT7T3 vector. Library
                     went through one round of normalization, and was
                     constructed by Bento Soares and M. Fatima Bonaldo."
ORIGIN

  Query Match             9.6%;  Score 385.8;  DB 1;  Length 389;
  Best Local Similarity   99.5%;  Pred. No. 8.3e-70;
  Matches  387;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1679 GCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTT 1738
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTT 60

Qy       1739 TATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGG 1798
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 TATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGG 120

Qy       1799 AGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTG 1858
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||
Db        121 AGCAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGACGTG 180

Qy       1859 TCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTC 1918
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 TCGGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTC 240

Qy       1919 CGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGA 1978
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 CGCTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGA 300

Qy       1979 GCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTG 2038
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 GCCAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTG 360

Qy       2039 TTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCG 2067
              |||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 TTCAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCG 389


RESULT 11
CN274427
LOCUS       CN274427                 409 bp    mRNA    linear   EST 16-MAY-2004
DEFINITION  17000531326763 GRN_ES Homo sapiens cDNA 5', mRNA sequence
ACCESSION   CN274427
VERSION     CN274427.1  GI:47290841
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata, Euteleostomi,
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae, Homo
REFERENCE   1  (bases 1 to 409)
  AUTHORS   Brandenberger,R., Wei,H., Zhang,S., Lei,S., Murage,J , Fisk,G J ,
            Li,Y., Xu,C., Fang,R., Guegler,K., Rao,M.S., Mandalam,R ,
            Lebkowski,J and Stanton,L.W.
  TITLE     Transcriptome characterization elucidates signaling networks that
            control human ES cell growth and differentiation
  JOURNAL   Nat. Biotechnol. 22 (6), 707-716 (2004)
COMMENT     Contact: Brandenberger R
            Regenerative Medicine
            Geron Corporation
            230 Constitution Drive, Menlo Park, CA 94025, USA
            Tel: 650 473 8658
            Fax: 650 473 7760
            Email: rbrandenberger@geron.com
            Insert Length: 409   Std Error: 0.00.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..409
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref=  9606"
                     /tissue_t  stem cells, cell lines H1, H7, and
                     H9"
                     /clone_l
                     /note="o   library
                     from unc
                     and H9
ORIGIN

  Query Match             9
  Best Local Similarity   9
  Matches  382;  Conservat

Qy          1 GCAGCGCTGCGT
              ||||||||||
Db         27 GCAGCGCTGCG

Qy         61 GCGCGCTCCC
              |||||||||
Db         87 GCGCGCTCCC

Qy        121 GCCGCTGGC
              ||||||||
Db        147 GCCGCTGG

Qy        181 GGACCCGG
              ||||||
Db        207 GGACCCG

Qy        241 ACGGCC
              |||||
Db        267 ACGGCC

Qy        301 CCGAG
              ||||
Db        327 CCGA

Qy        361 GCT
```

```
            ||||||||||||||||||||||
Db      387 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGG 409

RESULT 12
CF531121
LOCUS       CF531121                 688 bp    mRNA    linear   EST 12-SEP-2003
DEFINITION  UI-M-FY0-cgp-m-21-0-UI.r1 NIH_BMAP_FY0 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:30355988 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CF531121
VERSION     CF531121.1  GI:34583085
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 688)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Dr. Jim Lin, University of Iowa
             cDNA Library preparation: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             cDNA Library Arrayed by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             DNA Sequencing by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             Clone Distribution: Distribution information can be found at
            http://genome.uiowa.edu/distribution/mousefl.html
             This clone was contributed by the Brain Molecular Anatomy Project
            (BMAP)
            Seq primer: pYX-5.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..688
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:30355988"
                     /tissue_type="whole brain"
                     /dev_stage="embryo 13.5,14.5,16.5,17.5dpc"
                     /lab_host="DH10B (T1 phage resistant)"
                     /clone_lib="NIH_BMAP_FY0"
                     /note="Organ: Brain; Vector: pYX- Asc; Site_1: EcoR I;
                     Site_2: Not I; The library was constructed according
                     Bonaldo, Lennon and Soares, Genome Research, 6:791-806,
                     1996. Denatured RNA was size fractionated on a 1% agarose
                     gel. First strand cDNA synthesis was primed with oligo-dT
                     primer containing a Not I site. Double strand cDNA was
                     size selected according to mRNA size fraction, ligated
                     with EcoR I adaptor, digested with NotI and then cloned
                     directionally into pYX-Asc vector. The library tag
                     sequence located between the Not I site and the polyA tail
                     is AGCGAGACAG. This library was created for the University
                     Iowa Brain Anatomy Project (BMAP): 'Gene Discovery in the
                     Developing Mouse Nervous System', supported by National
                     Institute of Mental Health (NIMH), Hemin Chin, Ph.D.,
                     program coordinator."
ORIGIN

  Query Match             8.6%;  Score 346.2;  DB 7;  Length 688;
  Best Local Similarity   73.9%;  Pred. No. 1.7e-61;
  Matches  438;  Conservative    0;  Mismatches  155;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy         40 CCCGGCCACCCCCGCGATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCG 99
              ||||||      | | ||| | |||||||| || ||||   || |||||||| ||||||||
Db         63 CCCGGCCTTGAGCACAATGACCCGCGCTCCTCGTTGCCCCGCGGTGCGCTCTCTGCTGCG 122

Qy        100 CAGCCACTACCGCGAGGTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGG 159
              |||||  ||||| ||||||  |||||||| || ||||||||||||||||||||||  ||||
Db        123 CAGCCGATACCGGGAGGTGTGGCCGCTGGCAACCTTTGTGCGGCGCCTGGGGCCCGAGGG 182

Qy        160 CTGGCGGCTGGTGCAGCGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCT 219
               | ||||||| ||||| | ||||||||||   |    | ||||  |    |||| ||||| |||||

Db        183 CAGGCGGCTTGTGCAACCCGG

Qy        220 GGTGTGCGTGCCCTGGGACGCACGG
               |||||| ||| |||||  | ||| |||
Db        243 AGTGTGCATGCACTGGGGCTCACAGCCTC

Qy        280 CTGCCTGAAGGAGCTGGTGGCCCGAGTGCTGCA
               |  ||||||  |||||||||||||  |  ||   ||||||
Db        303 ATCCCTGAAAGAGCTGGTGGCCAGGGTTGTGCAGAGA

Qy        340 CGTGCTGGCCTTCGGCTTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCG
              |||||||| || ||||| | ||||||  ||| |||| | ||
Db        363 CGTGCTGGCTTTTGGCTTTGAGCTGCTTAACGAGGCCAGAGGCGG

Qy        400 CACCACCAGCGTGCGCAGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTG
              ||| |    |||||||| |||||| ||||||||||  || |   ||   | |||||
Db        423 CACTAGTAGCGTGCGTAGCTACTTGCCCAACACTGTTATTGAGACCCTGCGTG

Qy        460 GGCGTGGGGGCTGCTGCTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGC
                || |||   ||| |||  || ||||  |||||||||||| ||||||| |||||||||||
Db        483 TGCATGGATGCTACTGTTGAGCCGAGTGGGCGACGACCTGCTGGTCTACCTGCTGGCACA

Qy        520 CTGCGCGCTCTTTGTGCTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCT 579
              ||| || ||  |  |  | |||||||   ||||||||| ||||||||||||||| |  ||||
Db        543 CTGTGCTCTTTATCTTCTGGTGCCCCCCAGCTGTGCCTACCAGGGGAGATGGCCANGAGC 602

Qy        580 GTACCAGCTCGGCGCTGCCACTCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGAC 632
              ||     |  |  |    |  |  | ||||||    |   ||   |     ||   |    | || |
Db        603 GTCTAAACCCCTCATTCCTACTCAGCANCCTCCAGCCTAACTTGACTGGGGCC 655

RESULT 13
CF531069
LOCUS       CF531069                 649 bp    mRNA    linear   EST 12-SEP-2003
DEFINITION  UI-M-FY0-cgp-c-19-0-UI.r1 NIH_BMAP_FY0 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:30355746 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CF531069
VERSION     CF531069.1  GI:34583033
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus
REFERENCE   1  (bases 1 to 649)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Dr. Jim Lin, University of Iowa
             cDNA Library preparation: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             cDNA Library Arrayed by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             DNA Sequencing by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             Clone Distribution: Distribution information can be found at
            http://genome.uiowa.edu/distribution/mousefl.html
             This clone was contributed by the Brain Molecular Anatomy Project
            (BMAP)
            Seq primer: pYX-5.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..649
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:30355746"
                     /tissue_type="whole brain"
                     /dev_stage="embryo 13.5,14.5,16.5,17.5dpc"
                     /lab_host="DH10B (T1 phage resistant)"
                     /clone_lib="NIH_BMAP_FY0"
                     /note="Organ: Brain; Vector: pYX- Asc; Site_1: EcoR I;
                     Site_2: Not I; The library was constructed according
                     Bonaldo, Lennon and Soares, Genome Research, 6:791-806,
                     1996. Denatured RNA was size fractionated on a 1% agarose
```

```
              gel. First strand cDNA synthesis was primed with oligo-dT
              primer containing a Not I site. Double strand cDNA was
              size selected according to mRNA size fraction, ligated
              with EcoR I adaptor, digested with NotI and then cloned
              directionally into pYX-Asc vector. The library tag
              sequence located between the Not I site and the polyA tail
              is AGCGAGACAG. This library was created for the University
              Iowa Brain Anatomy Project (BMAP): 'Gene Discovery in the
              Developing Mouse Nervous System', supported by National
              Institute of Mental Health (NIMH), Hemin Chin, Ph.D.,
              program coordinator."
ORIGIN

  Query Match             8.5%;  Score 340.4;  DB 7;  Length 649;
  Best Local Similarity   77.3%;  Pred. No. 2.7e-60;
  Matches  413;  Conservative    0;  Mismatches  121;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy         40 CCCGGCCACCCCCGCGATGCCGCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCG 99
              ||||||      | | ||| | |||||||| || ||||  || |||||||| ||||||||
Db         26 CCCGGCCTTGAGCACAATGACCCGCGCTCCTCGTTGCCCCGCGGTGCGCTCTCTGCTGCG 85

Qy        100 CAGCCACTACCGCGAGGTGCTGCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGG 159
              |||||  ||||| ||||||  ||||||||| || || |||||||||||||||||| ||||
Db         86 CAGCCGATACCGGGAGGTGTGGCCGCTGGCAACCTTTGTGCGGCGCCTGGGGCCCGAGGG 145

Qy        160 CTGGCGGCTGGTGCAGCGCGGGGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCT 219
               | ||||||| ||||| | ||||||||||   |     | ||||  |  |||| ||||| |||||
Db        146 CAGGCGGCTTGTGCAACCCGGGGACCCGAAGATCTACCGCACTTTGGTTGCCCAATGCCT 205

Qy        220 GGTGTGCGTGCCCTGGGACGCACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTC 279
               |||||| ||| ||||| | ||| ||| || || |||| ||   ||||||| ||||||||
Db        206 AGTGTGCATGCACTGGGGCTCACAGCCTCCACCTGCCGACCTTTCCTTCCACCAGGTGTC 265

Qy        280 CTGCCTGAAGGAGCTGGTGGCCCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAA 339
               | |||||| ||||||||||||  | ||    |||||| || |||||||||  || || ||
Db        266 ATCCCTGAAAGAGCTGGTGGCCAGGGTTGTGCAGAGACTCTGCGAGCGCAACGAGAGAAA 325

Qy        340 CGTGCTGGCCTTCGGCTTCGCGCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTT 399
              |||||||||| || ||||| | ||||||  ||| ||||.| || || || |||  ||||||
Db        326 CGTGCTGGCTTTTGGCTTTGAGCTGCTTAACGAGGCCAGAGGCGGGCCTCCCATGGCCTT 385

Qy        400 CACCACCAGCGTGCGCAGCTACCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGG 459
              ||| |   |||||||| |||||| ||||||||||| || |   ||   | ||||| |  || ||
Db        386 CACTAGTAGCGTGCGTAGCTACTTGCCCAACACTGTTATTGAGACCCTGCGTGTCAGTGG 445

Qy        460 GGCGTGGGGGCTGCTGCTGCGCCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACG 519
                || |||   ||| ||| || ||||  |||||||||||| |||||||   ||||||||||||
Db        446 TGCATGGATGCTACTGTTGAGCCGAGTGGGCGACGACCTGCTGGTCTACCTGCTGGCACA 505

Qy        520 CTGCGCGCTCTTTGTGCTGGTGGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCC 573
              ||| || || | | | |||||| | |||||||| |||||||||| | |  ||||
Db        506 CTGTGCTCTTTATCTTCTGGTGCCCCCCAGCTGTGCCTACCAGGGGAGATGGCC 559


RESULT 14
BB618671
LOCUS       BB618671                 599 bp    mRNA    linear   EST 26-OCT-2001
DEFINITION  BB618671 RIKEN full-length enriched, 8 days embryo Mus musculus
            cDNA clone 5730412M20 5', mRNA sequence.
ACCESSION   BB618671
VERSION     BB618671.1  GI:16458173
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 599)
  AUTHORS   Arakawa,T., Carninci,P., Fukuda,S., Furuno,M., Hanagaki,T.,
            Hara,A., Hiramoto,K., Hori,F., Ishii,Y., Ito,M., Kawai,J.,
            Konno,H., Kouda,M., Koya,S., Matsuyama,T., Miyazaki,A., Nomura,K.,
            Ohno,M., Okazaki,Y., Okido,T., Saito,R., Sakai,C., Sakai,K.,
            Sano,H., Sasaki,D., Shibata,K., Shinagawa,A., Shiraki,T.,
            Sogabe,Y., Suzuki,H., Tagami,M., Tagawa,A., Takahashi,F.,
            Takeda,Y., Tanaka,T., Toya,T., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     RIKEN Mouse ESTs (Arakawa,T., et al. 2001)
  JOURNAL   Unpublished (2001)
COMMENT     Contact: Yoshihide Hayashizaki
            Laboratory for Genome Exploration Research Group, RIKEN Genomic
            Sciences Center(GSC), Yokohama Institute
            The Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN)
            1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa 230-0045, Japan
            Tel: 81-45-503-9222
            Fax: 81-45-503-9216
            Email: genome-res@gsc.riken.jp, URL:http://genome.gsc.riken.jp/
            Carninci,P., Shibata,Y., Hayatsu,N., Sugahara,Y., Shibata,K.,
            Itoh,M., Konno,H., Okazaki,Y., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
             Normalization and subtraction of cap-trapper-selected cDNAs to
            prepare full-length cDNA libraries for rapid discovery of new
            genes. Genome Res. . 10 (10), 1617-1630 (2000)
             wagi,K., Fujiwake,S., Inoue,K., Togawa,Y., Izawa,M., Ohara,E.,
            Watahiki,M., Yoneda,Y., Ishikawa,T., Ozawa,K., Tanaka,T.,
            Matsuura,S., Kawai,J., Okazaki,Y., Muramatsu,M., Inoue,Y., Kira,A.
            and Hayashizaki,Y.
             RIKEN integrated sequence analysis (RISA) system--384-format
            sequencing pipeline with 384 multicapillary sequencer. Genome Res. .
            10 (11), 1757-1771 (2000)
             Konno,H., Fukunishi,Y., Shibata,K., Itoh,M., Carninci,P.,
            Sugahara,Y. and Hayashizaki,Y.
             Computer-based methods for the mouse full-length cDNA
            encyclopedia: real-time sequence clustering for construction of a
            nonredundant cDNA library. Genome Res. . 11 (2), 281-289 (2001)
             Kondo,S., Shinagawa,A., Saito,T., Kiyosawa,H., Yamanaka,I.,
            Aizawa,K., Fukuda,S., Hara,A., Itoh,M., Kawai,J., Shibata,K. and
            Hayashizaki,Y.
             Computational Analysis of Full-Length Mouse cDNAs Compared with
            Human Genome Sequences. Mamm. Genome. 12, 673-677 (2001)
             Please visit our web site (http://genome.gsc.riken.go.jp) for
            further details.
             e mouse tissues.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .599
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="5730412M20"
                     /sex="mixed"
                     /dev_stage="8 days embryo"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="RIKEN full-length enriched, 8 days embryo"
                     /note="Site_1: SalI; Site_2: BamHI; cDNA library was
                     prepared and sequenced in Mouse Genome Encyclopedia
                     Project of Genome Exploration Research Group in Riken
                     Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in
                     RIKEN. Division of Experimental Animal Research in Riken
                     contributed to prepare mouse tissues. 1st strand cDNA was
                     primed with a primer [5'
                     GAGAGAGAGAAGGATCCAAGAGCTCTTTTTTTTTTTTTTTTTVN 3'], cDNA was
                     prepared by using trehalose thermo-activated reverse
                     transcriptase and subsequently enriched for full-length by
                     cap-trapper. cDNA went through one round of subtraction to
                     Rot = 100.0 Second strand cDNA was prepared with the
                     primer adapter of sequence [5'
                     GAGAGAGAGATTCTCGAGTTAATTAAATTAATCCCCCCCCCCCCC 3']. cDNA
                     was cloned into the XhoI and BamHI sites. Vector: a
                     modified pBluescript KS(+) after bulk excision from Lambda
                     FLC I. Cloning sites, 5' end: SalI; 3' end: BamHI."
ORIGIN

  Query Match             8.0%;  Score 322;  DB 2;  Length 599;
  Best Local Similarity   74.9%;  Pred. No. 1.9e-56;
  Matches  403;  Conservative    0;  Mismatches  135;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          2 CAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCCG 61
              || |  ||| || || | | | | |  | |      |      ||||||     | | ||| |
Db         61 CACCCTTGCATCTTGGTTCCCGCACGTGGGAGGCCCATCCCGGCCTTGAGCACAATGACC 120
```

```
Qy         62 CGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCTG 121
Db        121 CGCGCTCCTCGTTGCCCCGCGGTGCGCTCTCTGCTGCGCAGCCGATACCGGGAGGTGTGG 180

Qy        122 CCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGGG 181
Db        181 CCGCTGGCAACCTTTGTGCGGCGCCTGGGGCCCGAGGGCAGGCGGCTTGTGCAACCCGGG 240

Qy        182 GACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGCA 241
Db        241 GACCCGAAGATCTACCGCACTTTGGTTGCCCAATGCCTAGTGTGCATGCACTGGGGCTCA 300

Qy        242 CGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGCC 301
Db        301 CAGCCTCCACCTGCCGACCTTTCCTTCCACCAGGTGTCATCCCTGAAAGAGCTGGTGGCC 360

Qy        302 CGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGCG 361
Db        361 AGGGTTGTGCAGAGACTCTGCGAGCGCAACGAGAGAAACGTGCTGGCTTTTGGCTTTGAG 420

Qy        362 CTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTAC 421
Db        421 CTGCTTAACGAGGCCAGAGGCGGGCCTCCCCATGGCCTTCACTAGTAGCGTGCGTAGCTAC 480

Qy        422 CTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCGC 481
Db        481 TTGCCCAACACTGTTATTGAGACCCTGCGTGTCAGTGGTGCATGGATGCTACTGTTGAGC 540

Qy        482 CGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGG 539
Db        541 CGAGTGGGCGACGACCTGCTGGTCTACCTGCTGGCACACTGTGCTCTTTATCTTCTGG 598
```

```
RESULT 15
BQ258274
LOCUS       BQ258274                 664 bp    mRNA    linear   EST 06-MAY-2002
DEFINITION  NISC_kp11g04.q3 Baker mouse embryo e7.5 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:5409222, mRNA sequence.
ACCESSION   BQ258274
VERSION     BQ258274.1  GI:20459030
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 664)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP),
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            cDNA Library Preparation: J. Baker (Stanford University)
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium/LLNL
             DNA Sequencing by: National Institutes of Health Intramural
            Sequencing Center (NISC)
             Clone distribution: NCI-CGAP clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            info@image.llnl.gov
             MGI:1845958
            Plate: LLAM12043  row: N  column: 7
            Seq primer: Sp6 primer.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..664
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="CD-1"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:5409222"
                     /tissue_type="embryo, late gastrula"
                     /dev_stage="embryo, 7.5 dpc"
                     /lab_host="XL1-Blue"
                     /clone_lib="Baker mouse embryo e7.5"
                     /note="Vector: pCS105; Site_1: NotI; Site_2: SalI; cDNA
                     made by oligo-dT priming. Directionally cloned into
                     SalI/NotI sites using the following 5' adaptor:
                     5'-TCGACCCACGCGTCCG-3'. Size-selected for average insert
                     size 1.8-1.9 kb. Library constructed by J. Baker (Stanford
                     University)."
ORIGIN

  Query Match              7.9%;  Score 317.8;  DB 5;  Length 664;
  Best Local Similarity   68.3%;  Pred. No. 1.4e-55;
  Matches  479;  Conservative    0;  Mismatches  177;  Indels   45;  Gaps    1;

Qy       1108 GCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGAGACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTG 1167
Db          9 GCCTAACTTGACTGGGGCCAGGAGACTGGTGGAGATCATCTTTCTGGGCTCAAGGCCTAG 68

Qy       1168 GATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCTGCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCC 1227
Db         69 GACATCAGGACCACTCTGCAGGACACACCGTCTATCGCGTCGATACTGGCAGATGCGGCC 128

Qy       1228 CCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCAGTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGAC 1287
Db        129 CCTGTTCCAACAGCTGCTGGTGAACCATGCAGAGTGCCAATATGTCAGACTCCTCAGGTC 188

Qy       1288 GCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGCAGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCC 1347
Db        189 ACATTGCAGGTTTCGAACAGCAAACCAACAGGTGACAGATGCCT---------------- 232

Qy       1348 CCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGACACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCT 1407
Db        233 ---------------------------TGAACACCAGCCCACCGCACCTCATGGATTT 263

Qy       1408 GCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTACGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCG 1467
Db        264 GCTCCGCCTGCACAGCAGTCCCTGGCAGGTATATGGTTTTCTTCGGGCCTGTCTCTGCAA 323

Qy       1468 GCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCACAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACAC 1527
Db        324 GGTGGTGTCTGCTAGTCTCTGGGGTACCAGGCACAATGAGCGCCGCTTCTTTAAGAACTT 383

Qy       1528 CAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAAGCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAA 1587
Db        384 AAAGAAGTTCATCTCGTTGGGGAAATACGGCAAGCTATCACTGCAGGAACTGATGTGGAA 443

Qy       1588 GATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAGGAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGC 1647
Db        444 GATGAAAGTAGAGGATTGCCACTGGCTCCGCAGCAGCCCAGGGAAGGACCGTGTCCCCGC 503

Qy       1648 CGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGT 1707
Db        504 TGCAGAGCACCGTCTGAGGGAGAGGATCCTGGCTACGTTCCTGTTCTGGCTGATGGACAC 563

Qy       1708 GTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTATGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAA 1767
Db        564 ATACGTGGTACAGCTGCTTAGGTCATTCTTTTACATCACAGAGAGCACATTCCAGAAGAA 623

Qy       1768 CAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGC 1808
Db        624 CAGGCTCTTCTTCTACCGTAAGAGTGTGTGGAGCAAGCTGC 664


Search completed: October 30, 2004, 03:12:56
Job time : 11557 secs
```

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: October 29, 2004, 08:05:49 ; Search time 1764 Seconds
(without alignments)
11948.087 Million cell updates/sec

Title: US-10-044-692-1
Perfect score: 4015
Sequence: 1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGC..........TTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 4134886 seqs, 2624710521 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 8269772

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database : N_Geneseq_23Sep04:*
1: geneseqn1980s:*
2: geneseqn1990s:*
3: geneseqn2000s:*
4: geneseqn2001as:*
5: geneseqn2001bs:*
6: geneseqn2002as:*
7: geneseqn2002bs:*
8: geneseqn2003as:*
9: geneseqn2003bs:*
10: geneseqn2003cs:*
11: geneseqn2003ds:*
12: geneseqn2004s:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	% Query Match	Length	DB	ID	Description
1	4015	100.0	4015	2	AAZ00724	Aaz00724 Human tel
2	4015	100.0	4015	2	AAZ20279	Aaz20279 Human tel
3	4015	100.0	4015	2	AAZ30154	Aaz30154 cDNA enco
4	4015	100.0	4015	4	AAH45901	Aah45901 Human hTE
5	4015	100.0	4015	6	AAD46821	Aad46821 Human tel
6	4015	100.0	4015	6	ABA97534	Aba97534 Cancer ce
7	4015	100.0	4015	8	ACC57552	Acc57552 Human tel
8	4015	100.0	4015	8	ABZ22474	Abz22474 Human tel
9	4015	100.0	4015	8	ACC44482	Acc44482 Human tel
10	4015	100.0	4015	10	ACC58039	Acc58039 Human tel
11	4015	100.0	4015	12	ADG85223	Adg85223 Human tel
12	4015	100.0	4015	12	ADI82171	Adi82171 Human cDN
13	4015	100.0	4042	2	AAV72117	Aav72117 Human cat
14	4015	100.0	4070	6	ABL53711	Abl53711 Human tel
15	4013.4	100.0	4015	2	AAZ08150	Aaz08150 Human tel
16	4013.4	100.0	4015	8	ABZ18391	Abz18391 Group III
17	4011.8	99.9	4023	2	AAV60320	Aav60320 Human tel
18	4007	99.8	4037	2	AAV22428	Aav22428 Human tel
19	4002	99.7	4027	2	AAX89424	Aax89424 Human EST
20	4002	99.7	4027	3	AAA29388	Aaa29388 hEST2, a
21	4002	99.7	4027	10	ADC47060	Adc47060 Human TER
22	4002	99.7	4027	10	ADE40481	Ade40481 Human tel
23	3956.8	98.6	3964	2	AAX18254	Aax18254 Human tel
24	3885	96.8	3955	2	AAV22379	Aav22379 Human tel
25	3872	96.4	3918	2	AAX18269	Aax18269 Telomeras
26	3872	96.4	3918	2	AAX18278	Aax18278 Telomeras
27	3782.8	94.2	3798	2	AAV27876	Aav27876 Human tel
28	3641	90.7	3855	2	AAV22382	Aav22382 Human tel
29	3400	84.7	3453	8	ABZ76217	Abz76217 Human TER
30	3400	84.7	13766	6	AAD46790	Aad46790 pGRN145 p
31	3399	84.7	3399	6	ABV78144	Abv78144 Human tel
32	3399	84.7	3399	6	ABZ35720	Abz35720 Human elo
33	3399	84.7	3399	6	ABX09963	Abx09963 Human tel
34	3399	84.7	3399	6	ABL91685	Abl91685 Human pol
35	3399	84.7	3399	12	ADG90598	Adg90598 Human TER
36	3396	84.6	3396	4	AAH48235	Aah48235 Heart mus
37	3396	84.6	3396	4	AAH49601	Aah49601 Human cod
38	3396	84.6	3396	4	AAH44366	Aah44366 Human tel
39	3396	84.6	3396	12	ADG70113	Adg70113 hTERT cod
40	3392.8	84.5	3396	2	AAX18266	Aax18266 Telomeras
c 41	3388	84.4	8742	6	AAD46793	Aad46793 pWGB5a pl
42	3307.8	82.4	3543	8	ABZ69628	Abz69628 Plasmid c
43	3278.8	81.7	3500	2	AAX18275	Aax18275 Telomeras
44	3201.4	79.7	3203	2	AAX18268	Aax18268 Altered C
45	3121	77.7	3167	2	AAX18271	Aax18271 Altered C

ALIGNMENTS

RESULT 1
AAZ00724
ID AAZ00724 standard; DNA; 4015 BP.
XX
AC AAZ00724;
XX
DT 06-OCT-1999 (first entry)
XX
DE Human telomerase catalytic domain DNA.
XX
KW Telomerase; catalytic domain; human; quantitation; tumour cell; melanoma;
KW body fluid; metastases; T-cell lymphoblastoma; chronic myeloid leukemia;
KW acute lymphatic leukemia; melanoma; pulmonary carcinoma; colon cancer;
KW breast cancer; ss.
XX
OS Homo sapiens.
XX
PN DE19804372-A1.
XX
PD 05-AUG-1999.
XX
PF 04-FEB-1998; 98DE-01004372.
XX
PR 04-FEB-1998; 98DE-01004372.
XX
PA (DAHM/) DAHM M W.
XX
PI Dahm MW;
XX
DR WPI; 1999-431408/37.
XX
PT Quantifying tumor cells by amplifying mRNA encoding the catalytic subunit
PT of telomerase.
XX
PS Example; Fig 1A-B; 26pp; German.
XX
CC This invention describes a novel method for the quantitation of tumour
CC cells in a body fluid which comprises (1) enrichment or isolation of
CC tumour cells in the sample, (2) amplification of mRNA from these cells
CC that encodes the catalytic subunit of telomerase and (3) quantifying the
CC amount of amplified mRNA. The method is applied to tumour cells derived
CC from (micro)metastases, e.g. associated with a wide range of tumours such
CC as T-cell lymphoblastoma, chronic myeloid or acute lymphatic leukemia,
CC melanoma, pulmonary carcinoma, cancer of colon or breast etc. This

```
CC   sequence encodes a human telomerase protein catalytic domain
XX
SQ   Sequence 4015 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 2;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy        2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy        2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy        2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy        2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy        2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy        2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy        2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy        2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy        2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy        2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy        3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy        3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy        3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy        3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy        3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 2
AAZ20279
ID   AAZ20279 standard; cDNA; 4015 BP.
XX
AC   AAZ20279;
XX
DT   17-JAN-2000  (first entry)
XX
DE   Human telomerase reverse transcriptase (hTRT) cDNA.
XX
KW   Telomerase reverse transcriptase; human; hTRT; cell proliferation;
KW   cancer; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
```

```
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             56. .3454
FT                   /*tag=  a
XX
PN   WO9950386-A2.
XX
PD   07-OCT-1999.
XX
PF   31-MAR-1999;   99WO-US007097.
XX
PR   31-MAR-1998;   98US-00052864.
PR   03-AUG-1998;   98US-00128354.
XX
PA   (GERO-) GERON CORP.
XX
PI   Morin GB;
XX
DR   WPI; 1999-610842/52.
DR   P-PSDB; AAY32090.
XX
PT   New catalytic polypeptide and polynucleotide, useful for increasing
PT   catalytic activity in a cell.
XX
PS   Disclosure; Fig 2; 24pp; English.
XX
CC   This is the nucleotide sequence of cDNA encoding human telomerase reverse
CC   transcriptase (hTRT, see AAY32090). Human telomerase is a target for
CC   diagnosing and treating diseases relating to cell proliferation and
CC   senescence, such as cancer, or for increasing the proliferative capacity
CC   of a cell. A claimed method for increasing the proliferative capacity of
CC   a vertebrate cell, especially a human or other mammalian cell, involves
CC   introducing into the cell a recombinant hTRT polynucleotide encoding an
CC   hTRT variant in which residues 192-323, 200-323, 192-271, 200-271, 222-
CC   240, 415-450, 192-323 and 415-450, or 192-271 and 415-450 are deleted. A
CC   claimed method for reducing telomerase activity in a cell involves
CC   introducing a recombinant polynucleotide encoding an hTRT variant having
CC   a deletion of amino acids 192-450, 560-565, 637-660, 638-660, 748-764 or
CC   1055-1071. The polynucleotides are obtained by mutagenesis of the hTRT
CC   coding sequence
XX
SQ   Sequence 4015 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 2;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
```

```
Qy        1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy        1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy        1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy        1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy        1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy        1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy        1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy        1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy        1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy        2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy        2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy        2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy        2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy        2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy        2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy        2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy        2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy        2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy        2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy        2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


RESULT 3
AAZ30154
ID   AAZ30154 standard; cDNA; 4015 BP.
XX
AC   AAZ30154;
XX
DT   26-JAN-2000  (first entry)
XX
DE   cDNA encoding a human telomerase reverse transcriptase (TRT).
XX
KW   Human; telomerase reverse transcriptase; TRT; T lymphocyte activation;
KW   dendritic cell; telomerase activity; cancer cell; proliferating cell;
KW   immunological destruction; telomerase; cancer; proliferation disease; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             56. .3454
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "telomerase reverse transcriptase"
XX
PN   WO9950392-A1.
XX
PD   07-OCT-1999.
XX
PF   30-MAR-1999;   99WO-US006898.
XX
PR   31-MAR-1998;   98US-0112006P.
XX
PA   (GERO-) GERON CORP.
XX
PI   Gaeta FCA;
XX
DR   WPI; 1999-610845/52.
DR   P-PSDB; AAY43621.
XX
PT   Eliciting an in vivo immune response for prevention and treatment of
PT   cancers.
XX
PS   Disclosure; Fig 2; 26pp; English.
XX
CC   The present sequence encodes a human telomerase reverse transcriptase
CC   (TRT) polypeptide. The protein is used in the method of the invention.
CC   The specification describes a method for activating a T lymphocyte,
CC   comprising contacting the T lymphocyte with a dendritic cell that
CC   expresses a TRT peptide in the context of a MHC class I or MHC class II
CC   molecule. The protein causes induction of an in vivo immunological
CC   response to telomerase activity. Cancer cells are characterized by
CC   expression of endogenous TRT gene and the presence of detectable
CC   telomerase activity. Therefore, by eliciting a specific immune response
CC   to TRT or to TRT-expressing cells, it is possible to selectively target
CC   proliferating cells for immunological destruction. The method is used for
CC   eliciting an in vivo immune response to telomerase by activating a T
CC   lymphocyte, and is useful for prevention and treatment of cancers and
CC   other proliferation diseases/conditions
XX
SQ   Sequence 4015 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 2;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
```

```
Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 4
AAH45901
ID   AAH45901 standard; DNA; 4015 BP.
XX
AC   AAH45901;
XX
DT   06-SEP-2001  (first entry)
XX
DE   Human hTERT gene.
XX
KW   Human; hTERT; telomerase; catalytic subunit; mRNA quantitation;
KW   detection; beta-region; diagnosis; cancer; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   exon            1. .274
FT                   /*tag=  a
FT                   /number= 1
FT   exon            275. .1628
FT                   /*tag=  b
FT                   /number= 2
FT   exon            1629. .1824
FT                   /*tag=  c
FT                   /number= 3
FT   exon            1825. .2005
FT                   /*tag=  d
FT                   /number= 4
FT   exon            2006. .2185
FT                   /*tag=  e
FT                   /number= 5
FT   exon            2186. .2341
FT                   /*tag=  f
FT                   /number= 6
FT   primer_bind     complement(2309. .2325)
FT                   /*tag=  g
FT                   /note= "primer SYC1076 (AAH45902) binding site"
FT   primer_bind     complement(2311. .2325)
FT                   /*tag=  h
FT                   /note= "primer SYC1118 (AAH45905) binding site"
FT   exon            2342. .2437
FT                   /*tag=  i
FT                   /number= 7
FT   misc_binding    complement(2345. .2374)
FT                   /*tag=  j
FT                   /bound_moiety= "hybridisation probe CS3"
FT                   /note= "AAH45908"
FT   misc_binding    complement(2427. .2456)
FT                   /*tag=  k
FT                   /bound_moiety= "hybridisation probe CS12"
FT                   /note= "AAH45906"
FT   exon            2438. .2523
FT                   /*tag=  l
FT                   /number= 8
FT   misc_binding    complement(2458. .2487)
FT                   /*tag=  m
FT                   /bound_moiety= "hybridisation probe CS1"
FT                   /note= "AAH45907"
FT   primer_bind     2489. .2506
FT                   /*tag=  n
FT                   /note= "primer SYC1097 (AAH45904) binding site"
FT   exon            2524. .2637
FT                   /*tag=  o
FT                   /number= 9
FT   primer_bind     2615. .2631
FT                   /*tag=  p
FT                   /note= "primer SYC1078 (AAH45903) binding site"
FT   exon            2638. .2709
FT                   /*tag=  q
FT                   /number= 10
FT   exon            2710. .2898
FT                   /*tag=  r
FT                   /number= 11
FT   exon            2899. .3025
FT                   /*tag=  s
FT                   /number= 12
FT   exon            3026. .3087
FT                   /*tag=  t
FT                   /number= 13
FT   exon            3088. .3212
FT                   /*tag=  u
FT                   /number= 14
FT   exon            3213. .3350
FT                   /*tag=  v
```

```
FT                   /number= 15
FT   exon            3351. .4015
FT                   /*tag=  w
FT                   /number= 16
XX
PN   EP1108789-A2.
XX
PD   20-JUN-2001.
XX
PF   15-DEC-2000; 2000EP-00127228.
XX
PR   16-DEC-1999;   99US-00465491.
XX
PA   (HOFF ) HOFFMANN LA ROCHE & CO AG F.
XX
PI   Chang SP,  Santini CD;
XX
DR   WPI; 2001-376930/40.
XX
PT   Quantitating expression of mRNA encoding hTERT, the catalytic subunit of
PT   telomerase, as an indicator of cancer, by amplifying RNA using primers
PT   complementary to hTERT gene sequence and quantitating amplified products.
XX
PS   Claim 1; Page 5-7; 29pp; English.
XX
CC   The present sequence is that of the hTERT gene encoding the catalytic
CC   subunit of the human telomerase, comprising 16 exons, which is useful in
CC   a method for quantitating hTERT mRNA. The method is useful for detecting
CC   the presence of beta-region (a 182 nucleotide region consisting of exons
CC   7 and 8) of the hTERT-mRNA in a human sample for diagnosis and prognosis
CC   of cancer. The method provides an accurate measure of telomerase activity
CC   by selectively measuring mRNA that encodes an active hTERT protein
XX
SQ   Sequence 4015 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 4;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
```

```
Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


RESULT 5
AAD46821
ID   AAD46821 standard; cDNA; 4015 BP.
XX
AC   AAD46821;
XX
DT   27-JAN-2003  (first entry)
XX
DE   Human telomerase reverse transcriptase (TERT) cDNA.
XX
KW   Carbohydrate antigen; alpha(1,3)galactosyltransferase; alpha1,3GT; TERT;
KW   transgenic; alpha(1,2)fucosyltransferase; alpha1,2FT; human; enzyme;
KW   telomerase reverse transcriptase; gene; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             56. .3454
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "Human telomerase reverse transcriptase"
XX
PN   WO200274948-A2.
XX
PD   26-SEP-2002.
XX
PF   21-MAR-2002; 2002WO-CA000378.
XX
PR   21-MAR-2001; 2001US-0277811P.
XX
PA   (GERO-) GERON CORP.
XX
PI   Denning C,  Clark AJ,  Schiff JM;
XX
DR   WPI; 2002-759895/82.
DR   P-PSDB; AAE29226.
XX
PT   Mammalian cells, useful for producing animal tissues with carbohydrate
PT   antigens that are compatible for transplantation into human patients.
XX
PS   Disclosure; Page 33-34; 71pp; English.
XX
CC   The invention relates to animal tissues with carbohydrate antigens that
CC   are compatible for transplantation into human patients. The mammalian
CC   cell is inactivated homozygously for expression of alpha(1,3)galactosyl-
CC   transferase (alpha1,3GT) gene and comprises a transgene for alpha(1,2)-
CC   fucosyltransferase (alpha1,2FT). It is useful for producing animal tissue
CC   with carbohydrate antigens that are compatible for transplantation into
CC   human patients. The present sequence is human telomerase reverse
CC   transcriptase (TERT) cDNA used in the invention
XX
SQ   Sequence 4015 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db     1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy     1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy     1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy     1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy     1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy     1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy     1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy     1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy     1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy     1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy     1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy     1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy     1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy     1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy     1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy     1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy     2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy     2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy     2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy     2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy     2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy     2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy     2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy     2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy     2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy     2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy     2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy     2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy     2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy     2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy     2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy     2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy     3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy     3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy     3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy     3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy     3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
```

```
Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

RESULT 6
ABA97534
ID   ABA97534 standard; DNA; 4015 BP.
XX
AC   ABA97534;
XX
DT   05-APR-2002 (first entry)
XX
DE   Cancer cell discrimination method related human DNA.
XX
KW   Human; telomerase; enzyme; cancer cell discrimination; gene;
KW   reverse transcriptase; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   JP2001309791-A.
XX
PD   06-NOV-2001.
XX
PF   02-MAY-2000; 2000JP-00138250.
XX
PR   02-MAY-2000; 2000JP-00138250.
XX
PA   (KANE/) KANEUCHI H.
PA   (KAMI/) KAMIMORI M.
XX
DR   WPI; 2002-134853/18.
XX
PT   Discrimination of a cancer cell in a sample tissue, comprises determining
PT   the expression level of a reverse transcriptase component of telomerase
PT   using a hybridization assay.
XX
PS   Claim 2; Page 9-10; 16pp; Japanese.
XX
CC   The present invention relates to a method for the discrimination of a
CC   cancer cell in a sample tissue, which involves determining the expression
CC   level of a reverse transcriptase component of telomerase in a cell
CC   constituting the sample tissue by an in situ hybridization of the mRNA of
CC   the enzyme, and judging a cell showing a higher expression level than
CC   that of the reverse transcriptase component of telomerase in a normal
CC   cell to be a cancer cell. The present sequence is a human DNA used in the
CC   exemplification of the invention
XX
SQ   Sequence 4015 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

```
  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
```

```
Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 7
ACC57552
ID   ACC57552 standard; cDNA; 4015 BP.
XX
AC   ACC57552;
XX
DT   28-JUL-2003  (first entry)
XX
DE   Human telomerase reverse transcriptase cDNA.
XX
KW   Telomerase reverse transcriptase; TERT: enzyme; RNA interference;
KW   short interfering RNA; siRNA; cancer; tumour; cytostatic; contraceptive;
KW   immunosuppressive; antiinfertility; fungicide; antiparasitic;
KW   antiinflammatory; human; gene therapy; gene; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             56. .3454
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "TERT"
XX
PN   WO2003034985-A2.
XX
PD   01-MAY-2003.
XX
PF   16-OCT-2002; 2002WO-US033146.
XX
PR   22-OCT-2001; 2001US-0345326P.
PR   20-FEB-2002; 2002US-0359196P.
PR   22-MAY-2002; 2002US-0383195P.
XX
PA   (UYRP ) UNIV ROCHESTER.
XX
PI   Rowley PT;
XX
DR   WPI; 2003-403289/38.
DR   P-PSDB; ABR42063.
XX
PT   Novel nucleic acid encoding or comprising interfering RNAs which target
PT   telomerase RNA, useful for inhibiting telomerase activity for treating
PT   cancer, infertility and disorders of the immune system.
XX
PS   Disclosure; Fig 3; 52pp; English.
XX
CC   The present sequence is that of human telomerase reverse transcriptase
CC   (TERT) cDNA. The invention relates to the discovery that double-stranded
CC   interfering RNAs, such as short interfering RNAs (siRNA), which target
CC   telomerase RNA or TERT mRNA are capable of inhibiting telomerase
CC   activity. Inhibition of telomerase in cancer cells leads to telomere
CC   shortening, end-to-end chromosomal fusion, and apoptosis. Interference of
CC   telomerase activity can also be used for treatment of infertility, for
CC   contraception or sterilisation, for immunosuppression, for treatment of
CC   yeast, parasite and fungal infections, and in antiinflammatory therapies.
CC   As telomerase is active in a limited number of cell types, e.g. tumour
CC   cells, germline cells, certain stem cells of the haematopoietic system, T
CC   and B cells, sun-damaged skin, and proliferative cervix, most normal
CC   cells are not affected by telomerase RNA interference therapy
XX
SQ   Sequence 4015 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 8;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy       121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy       181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy       241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy       301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy       361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy       421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy       481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy       541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy       601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy       661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy       721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy       781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy       841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy       901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy       961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy      1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy      1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy      1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy      1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy      1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy      1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy      1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy      1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy      1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy      1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy      1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy      1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy      1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy      1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy      1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy      1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy      1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy      2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy      2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy      2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy      2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
```

```
Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 8
ABZ22474
ID   ABZ22474 standard; cDNA; 4015 BP.
XX
AC   ABZ22474;
XX
DT   25-MAR-2003  (first entry)
XX
DE   Human telomerase reverse transcriptase encoding cDNA SEQ ID NO:1.
XX
KW   Human; telomerase reverse transcriptase; enzyme; hTERT; chromosome 5;
KW   vulnerary; antiulcer; epithelial cell migration promoter; wound;
KW   epithelisation; skin wound; lesion; burn; surgical incision; ulcer;
KW   epithelial cell; keratinocyte; epidermal; mucosal; gene; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             56..3454
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "human telomerase reverse transcriptase"
XX
PN   WO200291999-A2.
XX
PD   21-NOV-2002.
XX
PF   09-MAY-2002; 2002WO-US014867.
XX
PR   09-MAY-2001; 2001US-0289903P.
```

```
XX
PA   (GERO-) GERON CORP.
XX
PI   Jiang X,  Chiu C,  Harley CB;
XX
DR   WPI; 2003-120591/11.
DR   P-PSDB; ABP56676.
XX
PT   Composition for treating wounds and enhancing epithelization of a skin
PT   surface, comprises vector encoding telomerase reverse transcriptase or
PT   telomerized epithelial cells on a microparticle or a matrix.
XX
PS   Disclosure; Page 31-32; 68pp; English.
XX
CC   The present invention describes a pharmaceutical composition (I)
CC   comprising a vector encoding telomerase reverse transcriptase (TERT) in
CC   an excipient or device, or comprises telomerised epithelial cells on a
CC   microparticle or a matrix suitable for topical administration or
CC   administration to a wound site. (I) has vulnerary and antiulcer
CC   activities and can be used to promote epithelial cell migration. (I) is
CC   useful for treating a wound and enhancing epithelisation of a skin
CC   surface. The wound is especially skin wound including acute lesion such
CC   as traumatic lesion, burn, or surgical incision, chronic lesion such as
CC   chronic venous ulcer, diabetic ulcer or compression ulcer and the wound
CC   is further monitored for closure. The telomerase activity or TERT
CC   expression is increased in epithelial cells at the site of treatment and
CC   also in fibroblasts or endothelial cells at the site of treatment. The
CC   epithelial cells are especially keratinocytes. A polynucleotide encoding
CC   TERT is useful for the preparation of a medicament for treatment of a
CC   wound or an epithelial surface in a human or animal. An epithelial cell
CC   with increased telomerase activity or increased expression of TERT is
CC   useful for preparation of a medicament for the treatment of a wound in a
CC   human or animal. (I) is also useful for treating wounds of other
CC   epidermal surfaces including mucosal surfaces such as bronchus, mouth,
CC   nose, oesophagus, stomach, or intestine. The present sequence encodes
CC   human TERT (hTERT), which is given in the exemplification of the present
CC   invention. hTERT is located to chromosome 5
XX
SQ   Sequence 4015 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 8;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
```

```
Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

RESULT 9
ACC44482
ID   ACC44482 standard; DNA; 4015 BP.
XX
AC   ACC44482;
XX
DT   29-AUG-2003 (first entry)
XX
DE   Human telomerase reverse transcriptase gene.
XX
KW   Gene; ds; human; telomerase reverse transcriptase; adipogenic capacity;
KW   primary preadipocyte cell; adipogenesis; obesity; adipocytokine;
KW   anorectic; adiponectin; insulin.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key   Location/Qualifiers
FT   CDS   56. .3454
FT   /*tag= a
FT   /product= "telomerase reverse transcriptase"
XX
PN   WO2003031640-A2.
XX
PD   17-APR-2003.
XX
PF   07-OCT-2002; 2002WO-US031635.
XX
PR   06-OCT-2001; 2001US-0327650P.
PR   06-OCT-2001; 2001US-0327651P.
XX
PA   (BOST-) BOSTON MEDICAL CENT CORP.
XX
PI   Kirkland J, Tchkonia T;
XX
DR   WPI; 2003-421278/39.
DR   P-PSDB; ABR58045.
XX
PT   New primary preadipocyte strain expressing telomerase reverse
PT   transcriptase, useful in research applications, screening assays,
PT   clinical applications, and in the administration of therapeutic agents,
PT   particularly for obesity.
XX
PS   Disclosure; Page 11-13; 53pp; English.
XX
CC   The invention relates to the generation of primary preadipocyte cell
CC   strains that expresse telomerase reverse transcriptase (TERT- the
CC   catalytic subunit of telomerase), and maintain and/or enhance replicative
CC   potential and maintain adipogenic capacity of the cell. This sequence
CC   represents the gene encoding the TERT protein. The cell strain can be
CC   used in research to study all aspect of adipogenesis, especially in
CC   relation to researching treatments for e.g. obesity. The cell can also be
CC   used to identify adipogenesis modulators for use as therapeutic agents
CC   such as hormones, growth factors, cytokines, enzymes, cholesterol binding
CC   proteins, cholesterol removing proteins or their combinations.
CC   Alternatively, the therapeutic agent may be an adipocytokine, preferably
CC   adiponectin, or insulin
XX
SQ   Sequence 4015 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

```
  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 8;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
```

```
Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


RESULT 10
ACC58039
ID   ACC58039 standard; cDNA; 4015 BP.
XX
AC   ACC58039;
XX
DT   11-AUG-2003  (first entry)
XX
DE   Human telomerase reverse transcriptase cDNA.
XX
KW   Telomerase reverse transcriptase; TERT; enzyme; RNA interference;
KW   short interfering RNA; siRNA; cancer; tumour; cytostatic; contraceptive;
KW   immunosuppressive; antiinfertility; fungicide; antiparasitic;
KW   antiinflammatory; human; gene therapy; gene; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             56. .3454
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "TERT"
XX
PN   WO2003035667-A2.
XX
PD   01-MAY-2003.
XX
PF   16-OCT-2002; 2002WO-US033065.
XX
PR   22-OCT-2001; 2001US-0345326P.
PR   20-FEB-2002; 2002US-0359196P.
PR   22-MAY-2002; 2002US-0383195P.
XX
PA   (UYRP ) UNIV ROCHESTER.
XX
PI   Rowley PT;
XX
DR   WPI; 2003-403336/38.
DR   P-PSDB; ABR42384.
XX
PT   Novel double-stranded short interfering RNA having sense and antisense
PT   nucleic acids which are complementary to each other and to target nucleic
PT   acid e.g., telomerase RNA or mRNA encoding telomerase reverse
PT   transcriptase.
XX
PS   Disclosure; Fig 3A-B; 37pp; English.
XX
CC   The present sequence is that of human telomerase reverse transcriptase
CC   (TERT) cDNA. The invention relates to the discovery that double-stranded
CC   interfering RNAs, such as short interfering RNAs (siRNA), which target
CC   telomerase RNA or TERT mRNA are capable of inhibiting telomerase
CC   activity. Inhibition of telomerase in cancer cells leads to telomere
CC   shortening, end-to-end chromosomal fusion, and apoptosis. Interference of
CC   telomerase activity can also be used for treatment of infertility, for
CC   contraception or sterilisation, for immunosuppression, for treatment of
CC   yeast, parasite and fungal infections, and in antiinflammatory therapies.
CC   As telomerase is active in a limited number of cell types, e.g. tumour
CC   cells, germline cells, certain stem cells of the haematopoietic system, T
CC   and B cells, sun-damaged skin, and proliferative cervix, most normal
CC   cells are not affected by telomerase RNA interference therapy
XX
SQ   Sequence 4015 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 10;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
```

```
Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy          2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy          2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy          2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy          2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy          2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy          2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy          2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy          2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy          3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy          3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy          3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy          3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy          3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy          3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy          3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy          3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy          3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy          3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy          3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy          3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy          3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy          3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy          3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy          3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy          3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 11
ADG85223
ID   ADG85223 standard; DNA; 4015 BP.
XX
AC   ADG85223;
XX
DT   11-MAR-2004  (first entry)
XX
DE   Human telomerase reverse transcriptase DNA.
XX
KW   telomerase catalytic activity;
KW   hydrogen peroxide-induced cellular senescence; proliferative disease;
KW   cancer; human; telomerase reverse transcriptase; ds; gene.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             2702. .3454
FT                   /*tag=  a
FT                   /partial
FT                   /product= "Telomerase reverse transcriptase"
FT                   /note= "No start codon given"
XX
PN   US2003225027-A1.
XX
PD   04-DEC-2003.
XX
PF   30-MAY-2003; 2003US-00449565.
XX
PR   31-MAY-2002; 2002US-0384806P.
XX
PA   (HUAN/) HUANG J.
PA   (HUAN/) HUANG C.
PA   (LINM/) LIN M C M.
PA   (KUNG/) KUNG H.
XX
PI   Huang JJ,  Huang C,  Lin MCM,  Kung H;
XX
DR   WPI; 2004-089418/09.
DR   P-PSDB; ADG85224.
XX
PT   New human telomerase reverse transcriptase polypeptide, useful in
```

```
PT   preparing a composition for treating or preventing proliferative disease,
PT   e.g., cancer.
XX
PS   Disclosure; SEQ ID NO 1; 38pp; English.
XX
CC   The invention relates to a new polypeptide which lacks telomerase
CC   catalytic activity or inhibitory effect on telomerase catalytic activity
CC   in a cell and has the ability to sensitize HeLa cells to hydrogen
CC   peroxide-induced cellular senescence. The polypeptide is useful in
CC   preparing a composition for treating or preventing proliferative disease
CC   e.g. cancer. The present sequence represents human telomerase reverse
CC   transcriptase DNA.
XX
SQ   Sequence 4015 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 12;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
```

```
Qy    1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy    1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy    2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy    2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy    2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy    2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy    2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy    2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy    2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy    2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy    2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy    2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy    2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy    2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy    2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy    2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy    2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy    2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy    3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy    3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy    3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy    3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy    3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy    3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy    3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy    3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy    3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy    3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy    3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy    3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy    3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy    3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy    3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy    3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy    3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 12
ADI82171
ID   ADI82171 standard; cDNA; 4015 BP.
XX
```

```
AC   ADI82171;
XX
DT   22-APR-2004  (first entry)
XX
DE   Human cDNA encoding telomerase reverse transcriptase.
XX
KW   Human; ss; gene; embryonic stem cell; pluripotent stem cell;
KW   abnormal cell growth; malignancy; differentiation.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   US2003224411-A1.
XX
PD   04-DEC-2003.
XX
PF   13-MAR-2003; 2003US-00388578.
XX
PR   13-MAR-2003; 2003US-00388578.
XX
PA   (STAN/) STANTON L W.
PA   (BRAN/) BRANDENBERGER R.
PA   (GOLD/) GOLD J D.
PA   (IRVI/) IRVING J M.
PA   (MAND/) MANDALAM R.
PA   (MOKM/) MOK M.
PA   (SHEL/) SHELTON D.
XX
PI   Stanton LW,  Brandenberger R,  Gold JD,  Irving JM,  Mandalam R;
PI   Mok M,  Shelton D;
XX
DR   WPI; 2004-119701/12.
DR   P-PSDB; ADI82172.
XX
PT   Assessing culture of undifferentiated primate pluripotent stem cells by
PT   detecting expression of markers e.g., Zic family member 3, other than
PT   human telomerase reverse transcriptase/octamer binding transcription
PT   factor.
XX
PS   Claim 1; SEQ ID NO 1; 106pp; English.
XX
CC   The invention relates to assessing a culture of undifferentiated primate
CC   pluripotent stem cells (pPS, e.g. embryonic stem cells), involving
CC   detecting expression of markers (MR1) e.g. Zic family member 3 (ZIC3), as
CC   given in specification, other than human telomerase reverse transcriptase
CC   (hTERT) or octamer binding transcription factor (Oct)3/4, or a marker
CC   (MR2) such as cripto or podocalyxin-like protein and hTERT and/or Oct3/4
CC   or second marker chosen from (MR2). Also included are maintaining (M2)
CC   pPS cells in a pluripotent state (involves causing them to express one of
CC   the following markers (MR3) at a higher level, FOXO1A, ZIC3, hypothetical
CC   protein FLJ20582, Forkhead box H1 (FOXH1), Zinc finger protein, Hsal2,
CC   KRAB-zinc finger protein SZF1-1 or zinc finger protein of cerebellum
CC   ZIC2, or any other marker (MR4) chosen from PHD protein Jade-1 (Jade-1),
CC   kruppel-like zinc finger protein (ZNF300), etc., as given in the
CC   specification), causing pPS cells to differentiate into a particular
CC   tissue type by causing them to express one of the markers chosen from
CC   (MR3) or (MR4)(or markers chosen from GATA binding protein 3 (GATA3),
CC   core promoter element binding protein (COPEB), etc., as given in the
CC   specification), maintaining pPS cells in a pluripotent state (involves
CC   culturing pPS cells or their progeny in the presence of a normally
CC   secreted protein that is encoded by a gene that down-regulated upon
CC   differentiation of human embryonic stem (hES) cells, chosen from
CC   Fibrillin 3 gene, LEFT B gene, ZIC3 gene, EPHA1 gene, etc., as given in
CC   the specification), causing pPS cells to differentiate (involves
CC   culturing pPS cells or their progeny in the presence of a normally
CC   secreted protein that is encoded by a gene that up-regulated upon
CC   differentiation of hES cells, chosen from P311 protein gene, Tax
CC   interaction protein 1 gene, KIAA0853 protein gene, keratin 19 (KRT 19)
CC   gene, etc., as given in the specification), causing an encoding sequence
CC   to be preferentially expressed in undifferentiated pPS cells, causing an
CC   encoding sequence to be preferentially expressed in differentiated cells,
CC   sorting (M4) differentiated cells from less differentiated cells
CC   (involves separating cells expressing a surface marker chosen from any
CC   one of MR1 from cells not expressing the marker), causing pPS cells to
CC   proliferate without differentiation, identifying genes that are up or
CC   down regulated during differentiation of pPS cells, and a kit (I) for
CC   assessing a culture of pPS cells by M1. The method (M1) is useful for
CC   assessing culture of undifferentiated primate pluripotent stem cells and
CC   for assessing the growth characteristics of a cell population. The cell
CC   population has been obtained by culturing cells from human blastocyst or
CC   from a human patient suspected of having a clinical condition related to
CC   abnormal cell growth. The method further involves determining whether the
CC   cell population is pluripotent from the marker expression and assessing
CC   whether the patient has a malignancy from the marker expression. The
CC   present sequence is a cDNA whose expression is down regulated in
CC   pluripotent stem cells.
XX
SQ   Sequence 4015 BP; 663 A; 1363 C; 1275 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 12;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
```

```
Qy      3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy      3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy      3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy      3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy      3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy      3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy      3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy      3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy      3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy      3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy      3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy      3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy      3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy      3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy      3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy      3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy      3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 13
AAV72117
ID   AAV72117 standard; cDNA; 4042 BP.
XX
AC   AAV72117;
XX
DT   24-MAY-1999  (first entry)
XX
DE   Human catalytic telomerase sub-unit cDNA.
XX
KW   Human; catalytic telomerase subunit; therapy; diagnosis; hTC; assay;
KW   modulator; treatment; inhibit; cellular disorder; death; defect; cancer;
KW   ageing; antisense; neoplastic cell; telomerase-related condition;
KW   tumour cell; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             63. .3461
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "catalytic telomerase subunit"
XX
PN   WO9859040-A2.
XX
PD   30-DEC-1998.
XX
PF   09-JUN-1998;   98WO-EP003468.
XX
PR   20-JUN-1997;   97DE-01026329.
PR   26-MAR-1998;   98DE-01013274.
PR   14-APR-1998;   98DE-01016496.
XX
PA   (FARB ) BAYER AG.
XX
PI   Hagen G,  Siegmund H,  Weichel W,  Wick M,  Zubov D;
XX
DR   WPI; 1999-081276/07.
DR   P-PSDB; AAW90251.
XX
PT   New catalytically active subunit of human telomerase - used in the
PT   modulation of telomerase activity, particularly for treating cancer and
PT   ageing.
XX
PS   Claim 4; Fig 1; 76pp; German.
XX
CC   This sequence encodes a novel human catalytic telomerase sub-unit (hTC).
CC   The encoded protein can be used in screening assays to identify
CC   modulators of telomerase and to treat or inhibit cellular disorders,
CC   death, defects and/or other pathological processes involving telomerase,
CC   particularly cancer and ageing (also suitable for this are agents that
CC   stimulate, inhibit or mimic the activity of the subunit). Antisense
CC   nucleic acids inhibit telomerase action (by binding to specific mRNA),
CC   particularly in neoplastic cells and may be expressed in vivo. Antibodies
CC   and fragments of the protein, used as probes or primers, are used to
CC   diagnose telomerase-related conditions (especially neoplasia) by (i)
CC   detecting abnormal levels of the subunit protein in body fluids or
CC   tissues or (ii) by measuring the amount of the encoding nucleic acid.
CC   Expression of the nucleic acid encoding the subunit mRNA is confined to
CC   tumour cells, in contrast to the ubiquitous expression of the telomerase
CC   RNA subunit
XX
SQ   Sequence 4042 BP; 684 A; 1364 C; 1277 G; 717 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 2;  Length 4042;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          8 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 67

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         68 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 127

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    128 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 187

Qy    181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    188 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 247

Qy    241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    248 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 307

Qy    301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    308 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 367

Qy    361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    368 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 427

Qy    421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    428 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 487

Qy    481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    488 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 547

Qy    541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    548 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 607

Qy    601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    608 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 667

Qy    661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    668 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 727

Qy    721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    728 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 787

Qy    781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    788 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 847

Qy    841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    848 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 907

Qy    901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    908 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 967

Qy    961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    968 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1027

Qy   1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1028 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1087

Qy   1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1088 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1147

Qy   1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1148 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1207

Qy   1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1208 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1267

Qy   1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1268 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1327

Qy   1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1328 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1387

Qy   1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1388 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1447

Qy   1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1448 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1507

Qy   1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1508 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1567

Qy   1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1568 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1627

Qy   1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1628 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1687

Qy   1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1688 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1747

Qy   1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1748 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1807

Qy   1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1808 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1867

Qy   1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1868 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1927

Qy   1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1928 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1987

Qy   1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1988 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2047

Qy   2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2048 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2107

Qy   2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2108 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2167

Qy   2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2168 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2227

Qy   2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2228 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2287

Qy   2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2288 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2347
```

```
Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2348 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2407

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2408 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2467

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2468 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2527

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2528 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2587

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2588 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2647

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2648 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2707

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2708 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2767

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2768 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2827

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2828 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2887

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2888 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2947

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2948 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3007

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3008 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3067

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3068 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3127

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3128 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3187

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3188 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3247

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3248 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3307

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3308 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3367

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3368 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3427

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3428 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3487

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3488 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3547

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3548 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3607

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3608 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3667

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3668 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3727

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3728 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3787

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3788 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3847

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3848 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3907

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3908 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3967

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3968 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4022
```

```
RESULT 14
ABL53711
ID   ABL53711 standard; cDNA; 4070 BP.
XX
AC   ABL53711;
XX
DT   17-JUN-2002  (first entry)
XX
DE   Human telomerase catalytic subunit hTERT cDNA.
XX
KW   hTERT; telomerase; reverse transcriptase; immortalisation; human;
KW   vaccine; enzyme; gene; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200216555-A2.
XX
PD   28-FEB-2002.
XX
PF   17-AUG-2001; 2001WO-GB003726.
XX
PR   17-AUG-2000; 2000GB-00020246.
PR   17-AUG-2000; 2000US-0225734P.
XX
PA   (UYWA-) UNIV WALES COLLEGE OF MEDICINE.
XX
PI   Jones CJ,  Kipling DG,  Wilkinson G,  Mcsharry B,  Skinner JW;
XX
DR   WPI; 2002-315462/35.
XX
PT   Novel hTERT-immortalized cell line (human telomerase reverse
PT   transcriptase) useful for human vaccine production and preparation of
PT   antigen, such as a virus or virus-derived agent.
```

```
XX
PS   Example 1; Fig 1; 64pp; English.
XX
CC   The present sequence is that of hTERT cDNA in plasmid pGRN121. hTERT is
CC   the catalytic subunit of human telomerase. Claimed immortalised cell
CC   lines for use in vaccine production are adapted to express hTERT.
CC   Suitable cell lines comprise human diploid fibroblasts, e.g. MRC-5 or
CC   WI38 cells, transfected with hTERT cDNA or infected by a retrovirus
CC   carrying hTERT cDNA, and are capable of supporting antigen production. A
CC   method for preparing such cell lines using recombinant techniques is
CC   provided. The cell lines are also used as a diagnostic test for the
CC   presence of a virus, such as human cytomegalovirus, and to determine the
CC   efficacy of antiviral agents by testing the capability of a modified
CC   virus containing a reporter gene to infect the cells. The cell lines have
CC   the ability, which can be impaired in cell lines immortalised by other
CC   methods, of being able to support viral replication. The cells remain
CC   morphologically suitable for viral/vaccine cultivation
XX
SQ   Sequence 4070 BP; 670 A; 1383 C; 1296 G; 721 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 6;  Length 4070;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         21 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 80

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         81 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 140

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        141 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 200

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        201 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 260

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        261 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 320

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        321 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 380

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        381 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 440

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        441 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 500

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        501 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 560

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        561 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 620

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        621 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 680

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        681 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 740

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        741 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 800

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        801 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 860

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        861 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 920

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        921 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 980

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        981 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1040

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1041 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1100

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1101 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1160

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1161 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1220

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1221 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1280

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1281 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1340

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1341 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1400

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1401 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1460

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1461 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1520

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1521 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1580

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1581 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1640

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1641 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1700

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1701 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1760

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1761 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1820

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   1821 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1880

Qy   1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1881 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1940

Qy   1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1941 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 2000

Qy   1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2001 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2060

Qy   2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2061 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2120

Qy   2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2121 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2180

Qy   2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2181 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2240

Qy   2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2241 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2300

Qy   2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2301 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2360

Qy   2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2361 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2420

Qy   2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2421 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2480

Qy   2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2481 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2540

Qy   2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2541 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2600

Qy   2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2601 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2660

Qy   2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2661 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2720

Qy   2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2721 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2780

Qy   2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2781 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2840

Qy   2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2841 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2900

Qy   2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2901 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2960

Qy   2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2961 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3020

Qy   3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3021 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3080

Qy   3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3081 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3140

Qy   3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3141 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3200

Qy   3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3201 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3260

Qy   3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3261 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3320

Qy   3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3321 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3380

Qy   3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3381 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3440

Qy   3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3441 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3500

Qy   3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3501 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3560

Qy   3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3561 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3620

Qy   3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3621 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3680

Qy   3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3681 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3740

Qy   3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3741 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3800

Qy   3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3801 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3860

Qy   3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3861 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3920

Qy   3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3921 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3980

Qy   3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3981 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4035
```

```
RESULT 15
AAZ08150
ID   AAZ08150 standard; cDNA; 4015 BP.
XX
AC   AAZ08150;
XX
DT   17-JAN-2000  (first entry)
XX
DE   Human telomerase reverse transcriptase cDNA.
XX
KW   Human telomerase reverse transcriptase; hTRT; telomerase; hEST2;
KW   catalytic protein component; cell proliferative capacity;
KW   cell immortality; neoplastic phenotype; diagnostic application;
KW   prognostic application; telomerase related condition; cancer;
KW   therapeutic agent; telomerase expression; telomerase activity; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             56. .3454
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "Human telomerase reverse transcriptase"
FT                   /transl_except= (pos:1877. .1879, aa:Gln)
XX
PN   WO9950279-A1.
XX
PD   07-OCT-1999.
XX
PF   31-MAR-1999;   99WO-US007160.
XX
PR   31-MAR-1998;   98US-00052919.
XX
PA   (GERO-) GERON CORP.
PA   (UYTE-) UNIV TECHNOLOGY CORP.
XX
PI   Cech TR,  Lingner J,  Nakamura T,  Chapman KB,  Morin GB,  Harley CB;
PI   Andrews WH;
XX
DR   WPI; 1999-610834/52.
DR   P-PSDB; AAY28881.
XX
PT   Antisense polynucleotides for human telomerase reverse transcriptase used
PT   for diagnosing or treating cancer.
XX
PS   Claim 1; Fig 1; 31pp; English.
XX
CC   The present sequence encodes for human telomerase reverse transcriptase
CC   (hTRT). This is the catalytic protein component of telomerase and is also
CC   referred to as hEST2. This correlates with cell proliferative capacity,
CC   cell immortality, and the development of a neoplastic phenotype. Human
CC   TRT antisense oligonucleotides are useful for diagnostic or prognostic
CC   applications to telomerase related conditions, including cancer. They are
CC   also useful as therapeutic agents, for inhibition of telomerase
CC   expression and activity
XX
SQ   Sequence 4015 BP; 663 A; 1364 C; 1274 G; 714 T; 0 U; 0 Other;

  Query Match             100.0%;  Score 4013.4;  DB 2;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4014;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
```

```
Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              |||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCACCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

Search completed: October 30, 2004, 00:00:24
Job time : 1776 secs

GenCore version 5.1.6

OM nucleic - nucleic search, using sw model

```
Run on:         October 30, 2004, 00:00:31 ; Search time 1763 Seconds
                                             (without alignments)
                                             11677.437 Million cell updates/sec

Title:          US-10-044-692-1
Perfect score:  4015
Sequence:       1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGC..........TTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015

Scoring table:  IDENTITY_NUC
                Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched:       3413475 seqs, 2563800928 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      6826950

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Database :       Published_Applications_NA:*
                 1:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US07_PUBCOMB.seq:*
                 2:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/PCT_NEW_PUB.seq:*
                 3:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US06_NEW_PUB.seq:*
                 4:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US06_PUBCOMB.seq:*
                 5:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US07_NEW_PUB.seq:*
                 6:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/PCTUS_PUBCOMB.seq:*
                 7:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US08_NEW_PUB.seq:*
                 8:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US08_PUBCOMB.seq:*
                 9:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09A_PUBCOMB.seq:*
                 10:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09B_PUBCOMB.seq:*
                 11:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09C_PUBCOMB.seq:*
                 12:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09_NEW_PUB.seq:*
                 13:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10A_PUBCOMB.seq:*
                 14:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10B_PUBCOMB.seq:*
                 15:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10C_PUBCOMB.seq:*
                 16:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10D_PUBCOMB.seq:*
                 17:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10E_PUBCOMB.seq:*
                 18:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10_NEW_PUB.seq:*
                 19:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US11_NEW_PUB.seq:*
                 20:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US60_NEW_PUB.seq:*
                 21:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US60_PUBCOMB.seq:*
```

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

	Result No.	Score	% Query Match	Length	DB	ID	Description
	1	4015	100.0	4015	9	US-09-733-294A-3	Sequence 3, Appli
	2	4015	100.0	4015	9	US-09-990-080-1	Sequence 1, Appli
	3	4015	100.0	4015	9	US-09-843-676-224	Sequence 224, App
	4	4015	100.0	4015	9	US-09-953-052-1	Sequence 1, Appli
	5	4015	100.0	4015	14	US-10-053-758-224	Sequence 224, App
	6	4015	100.0	4015	14	US-10-208-243-1	Sequence 1, Appli
	7	4015	100.0	4015	14	US-10-054-295-224	Sequence 224, App
	8	4015	100.0	4015	14	US-10-054-611-224	Sequence 224, App
	9	4015	100.0	4015	14	US-10-105-963-1	Sequence 1, Appli
	10	4015	100.0	4015	14	US-10-044-692-1	Sequence 1, Appli
	11	4015	100.0	4015	15	US-10-044-539-1	Sequence 1, Appli
	12	4015	100.0	4015	15	US-10-325-810-1	Sequence 1, Appli
	13	4015	100.0	4015	15	US-10-388-578-1	Sequence 1, Appli
	14	4015	100.0	4015	15	US-10-449-565-1	Sequence 1, Appli
	15	4015	100.0	4015	17	US-10-602-441-1	Sequence 1, Appli
	16	4015	100.0	4015	17	US-10-389-431-1	Sequence 1, Appli
	17	4008.6	99.8	4037	15	US-10-325-810-343	Sequence 343, App
	18	4002	99.7	4027	15	US-10-385-882-1	Sequence 1, Appli
	19	3849.2	95.9	4029	9	US-09-843-676-173	Sequence 173, App
	20	3849.2	95.9	4029	10	US-09-438-486-173	Sequence 173, App
	21	3849.2	95.9	4029	14	US-10-053-758-173	Sequence 173, App
	22	3849.2	95.9	4029	14	US-10-054-295-173	Sequence 173, App
	23	3849.2	95.9	4029	14	US-10-054-611-173	Sequence 173, App
	24	3849.2	95.9	4029	15	US-10-325-810-292	Sequence 292, App
	25	3641	90.7	3855	14	US-10-044-692-4	Sequence 4, Appli
	26	3641	90.7	3855	15	US-10-044-539-4	Sequence 4, Appli
	27	3641	90.7	3855	15	US-10-325-810-4	Sequence 4, Appli
	28	3400	84.7	3453	14	US-10-205-629-1	Sequence 1, Appli
	29	3400	84.7	13766	15	US-10-105-616-1	Sequence 1, Appli
	30	3399	84.7	3399	17	US-10-384-339C-28	Sequence 28, Appl
	31	3396	84.6	3396	9	US-09-749-728B-32	Sequence 32, Appl
c	32	3388	84.4	8742	15	US-10-105-616-6	Sequence 6, Appli
	33	1960.4	48.8	2176	14	US-10-044-692-3	Sequence 3, Appli
	34	1960.4	48.8	2176	15	US-10-044-539-3	Sequence 3, Appli
	35	1960.4	48.8	2176	15	US-10-325-810-3	Sequence 3, Appli
	36	1877.2	46.8	2171	9	US-09-843-676-100	Sequence 100, App
	37	1877.2	46.8	2171	9	US-09-766-253-100	Sequence 100, App
	38	1877.2	46.8	2171	10	US-09-438-486-100	Sequence 100, App
	39	1877.2	46.8	2171	14	US-10-053-758-100	Sequence 100, App
	40	1877.2	46.8	2171	14	US-10-054-295-100	Sequence 100, App
	41	1877.2	46.8	2171	14	US-10-054-611-100	Sequence 100, App
	42	1877.2	46.8	2171	15	US-10-325-810-266	Sequence 266, App
	43	1823	45.4	1866	14	US-10-294-778-11	Sequence 11, Appl
	44	1670.6	41.6	4170	17	US-10-602-441-5	Sequence 5, Appli
	45	1600.8	39.9	3426	17	US-10-602-441-3	Sequence 3, Appli

ALIGNMENTS

```
RESULT 1
US-09-733-294A-3
; Sequence 3, Application US/09733294A
; Patent No. US20020045588A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Brett P. Monia
;  APPLICANT: William Gaarde
;  APPLICANT: Susan M. Freier
;  APPLICANT: Edward V. Wancewicz
;  TITLE OF INVENTION: ANTISENSE MODULATION OF TERT EXPRESSION
;  FILE REFERENCE: ISPH-0527
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/733,294A
;  CURRENT FILING DATE:  2000-12-07
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 09/572,423
;  PRIOR FILING DATE: 2000-05-16
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 108
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 4015
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (56)...(3454)
US-09-733-294A-3

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 9;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db     61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy    121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy    181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy    241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy    301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy    361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy    421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy    481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy    541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy    601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy    661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy    721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy    781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy    841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy    901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy    961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy   1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy   1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy   1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy   1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy   1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy   1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy   1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy   1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy   1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy   1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy   1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy   1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy   1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy   1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy   1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy   1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy   1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy   2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy   2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy   2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy   2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
```

```
Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 2
US-09-990-080-1
; Sequence 1, Application US/09990080
; Patent No. US20020102686A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Morin, Gregg B.
;  APPLICANT:  Geron Corporation
;  TITLE OF INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit Variants
;  FILE REFERENCE: 018/258c
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/990,080
;  CURRENT FILING DATE:  1998-08-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/052,864
;  PRIOR FILING DATE: 1998-03-31
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 21
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 4015
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (56)..(3454)
;   OTHER INFORMATION: human telomerase reverse transcriptase (hTRT) cDNA
US-09-990-080-1

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 9;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;
```

```
Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 3
US-09-843-676-224
; Sequence 224, Application US/09843676
; Patent No. US20020164786A1
;  GENERAL INFORMATION:
;        APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                   Lingner, Joachim
;                   Nakamura, Toru
;                   Chapman, Karen B.
;                   Morin, Gregg B.
;                   Harley, Calvin
;                   Andrews, William H.
;        TITLE OF INVENTION: No. US20020164786A1el Telomerase
;        NUMBER OF SEQUENCES: 225
;        CORRESPONDENCE ADDRESS:
;             ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;             STREET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
;             CITY: San Francisco
;             STATE: California
;             COUNTRY: United States of America
;             ZIP: 94111
;        COMPUTER READABLE FORM:
;             MEDIUM TYPE: Floppy disk
```

```
;              COMPUTER: IBM PC compatible
;              OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;              SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;         CURRENT APPLICATION DATA:
;              APPLICATION NUMBER: US/09/843,676
;              FILING DATE: 26-Apr-2001
;              CLASSIFICATION: 536
;         PRIOR APPLICATION DATA:
;              APPLICATION NUMBER: US/08/854,050
;              FILING DATE: 09-MAY-1997
;              APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;              FILING DATE: 25-APR-1997
;              APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;              FILING DATE: 18-APR-1997
;              APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;              FILING DATE: 01-OCT-1996
;         ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;              NAME: Apple,  Randolph T.
;              REGISTRATION NUMBER: 36,429
;              REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002930US
;         TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;              TELEPHONE: (415) 576-0200
;              TELEFAX: (415) 576-0300
;    INFORMATION FOR SEQ ID NO: 224:
;         SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;              LENGTH: 4015 base pairs
;              TYPE: nucleic acid
;              STRANDEDNESS: single
;              TOPOLOGY: linear
;         MOLECULE TYPE: cDNA
;         FEATURE:
;              NAME/KEY:  CDS
;              LOCATION:  56..3454
;              OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;              /note= "human telomerase reverse
;              transcriptase (hTRT) catalytic protein
;              component"
;         SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 224:
US-09-843-676-224

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 9;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db     1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy     1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy     1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy     1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy     1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy     1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy     1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy     1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy     1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy     2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy     2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy     2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy     2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy     2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy     2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy     2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy     2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy     2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy     2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy     2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy     2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy     2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy     2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy     2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy     2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy     3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy     3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy     3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy     3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy     3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy     3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy     3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy     3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy     3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy     3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy     3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy     3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
```

```
Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


RESULT 4
US-09-953-052-1
; Sequence 1, Application US/09953052
; Patent No. US20020173476A1
;  GENERAL INFORMATION:
;       APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                  Lingner, Joachim
;                  Nakamura, Toru
;                  Chapman, Karen B.
;                  Morin, Gregg B.
;                  Harley, Calvin B.
;                  Andrews, William H.
;       TITLE OF INVENTION: Antisense Compositions for Detecting and
;                           Inhibiting Telomerase Reverse Transcriptase
;       NUMBER OF SEQUENCES: 72
;       CORRESPONDENCE ADDRESS:
;            ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;            STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;            CITY: San Francisco
;            STATE: California
;            COUNTRY: USA
;            ZIP: 94111-3834
;       COMPUTER READABLE FORM:
;            MEDIUM TYPE: Floppy disk
;            COMPUTER: IBM PC compatible
;            OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;            SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;       CURRENT APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/09/953,052
;            FILING DATE: 14-Sep-2001
;            CLASSIFICATION: <Unknown>
;       PRIOR APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: 09/052,919
;            FILING DATE: <Unknown>
;            APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;            FILING DATE: 18-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;            FILING DATE: 25-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;            FILING DATE: 06-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;            FILING DATE: 09-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/911,312
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/912,951
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;            FILING DATE: 14-AUG-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/974,549
;            FILING DATE: 19-NOV-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/974,584
;            FILING DATE: 19-NOV-1997
;            APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17618
;            FILING DATE: 01-OCT-1997
;            APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;            FILING DATE: 01-OCT-1997
;       ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;            NAME: Parent, Annette S.
;            REGISTRATION NUMBER: 42,058
;            REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-003600US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;            TELEPHONE: (415) 576-0200
;            TELEFAX: (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;            LENGTH: 4015 base pairs
;            TYPE: nucleic acid
;            STRANDEDNESS: single
;            TOPOLOGY: linear
;       MOLECULE TYPE: cDNA
;       FEATURE:
;            NAME/KEY: CDS
;            LOCATION: 56..3454
;            OTHER INFORMATION: /product= "human telomerase reverse
;            transcriptase (hTRT)"
;       SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1:
US-09-953-052-1

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 9;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
```

```
Qy     661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy     721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy     781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy     841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy     901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy     961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy    1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy    1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy    1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy    1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy    1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy    1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy    1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy    1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy    1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy    1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy    1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy    1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy    1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy    1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy    1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy    1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy    1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy    2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy    2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy    2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy    2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy    2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy    2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy    2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy    2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy    2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy    2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy    2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy    2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy    2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy    2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 5
US-10-053-758-224
; Sequence 224, Application US/10053758
; Publication No. US20030032075A1
;  GENERAL INFORMATION:
;       APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                  Lingner, Joachim
;                  Nakamura, Toru
;                  Chapman, Karen B.
;                  Morin, Gregg B.
;                  Harley, Calvin
;                  Andrews, William H.
;       TITLE OF INVENTION: No. US20030032075A1el Telomerase
;       NUMBER OF SEQUENCES: 225
;       CORRESPONDENCE ADDRESS:
;            ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;            STREET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
;            CITY: San Francisco
;            STATE: California
;            COUNTRY: United States of America
;            ZIP: 94111
;       COMPUTER READABLE FORM:
;            MEDIUM TYPE: Floppy disk
;            COMPUTER: IBM PC compatible
;            OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;            SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;       CURRENT APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/10/053,758
;            FILING DATE: 18-Jan-2002
;            CLASSIFICATION: 536
;       PRIOR APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/08/854,050
;            FILING DATE: 09-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;            FILING DATE: 06-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;            FILING DATE: 25-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;            FILING DATE: 18-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;            FILING DATE: 01-OCT-1996
;       ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;            NAME: Apple, Randolph T.
;            REGISTRATION NUMBER: 36,429
;            REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002930US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;            TELEPHONE: (415) 576-0200
;            TELEFAX: (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO: 224:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;            LENGTH: 4015 base pairs
;            TYPE: nucleic acid
;            STRANDEDNESS: single
;            TOPOLOGY: linear
;       MOLECULE TYPE: cDNA
;       FEATURE:
;            NAME/KEY:  CDS
;            LOCATION:  56..3454
;            OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;            /note= "human telomerase reverse
;            transcriptase (hTRT) catalytic protein
;            component"
;       SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 224:
US-10-053-758-224

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 14;  Length 4015;
```

```
Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
```

```
Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015

RESULT 6
US-10-208-243-1
; Sequence 1, Application US/10208243
; Publication No. US20030044394A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Gaeta, Federico C.A.
;  APPLICANT:  Geron Corporation
;  TITLE OF INVENTION: Methods and Compositions for Eliciting an Immune
;  TITLE OF INVENTION:  Response to a Telomerase Antigen
;  FILE REFERENCE: 015389-003500PC
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/208,243
;  CURRENT FILING DATE:  2002-07-30
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/675,321
;  PRIOR FILING DATE: 2000-09-28
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/112,006
;  PRIOR FILING DATE: 1998-03-31
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: WO PCT/US99/06898
;  PRIOR FILING DATE: 1999-03-30
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 2
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
```

```
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 4015
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (56)..(3454)
;   OTHER INFORMATION: human telomerase reverse transcriptase (hTRT)
US-10-208-243-1

  Query Match            100.0%;  Score 4015;  DB 14;  Length 4015;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
```

```
Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 7
US-10-054-295-224
; Sequence 224, Application US/10054295
; Publication No. US20030044953A1
;  GENERAL INFORMATION:
;       APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                  Lingner, Joachim
;                  Nakamura, Toru
;                  Chapman, Karen B.
```

```
;                 Morin, Gregg B.
;                 Harley, Calvin
;                 Andrews, William H.
;        TITLE OF INVENTION: No. US20030044953A1el Telomerase
;        NUMBER OF SEQUENCES: 225
;        CORRESPONDENCE ADDRESS:
;             ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;             STREET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
;             CITY: San Francisco
;             STATE: California
;             COUNTRY: United States of America
;             ZIP: 94111
;        COMPUTER READABLE FORM:
;             MEDIUM TYPE: Floppy disk
;             COMPUTER: IBM PC compatible
;             OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;             SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;        CURRENT APPLICATION DATA:
;             APPLICATION NUMBER: US/10/054,295
;             FILING DATE: 18-Jan-2002
;             CLASSIFICATION: 536
;        PRIOR APPLICATION DATA:
;             APPLICATION NUMBER: 08/854,050
;             FILING DATE: <Unknown>
;             APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;             FILING DATE: 25-APR-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;             FILING DATE: 18-APR-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;             FILING DATE: 01-OCT-1996
;        ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;             NAME: Apple,  Randolph T.
;             REGISTRATION NUMBER: 36,429
;             REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002930US
;        TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;             TELEPHONE: (415) 576-0200
;             TELEFAX: (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO: 224:
;        SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;             LENGTH: 4015 base pairs
;             TYPE: nucleic acid
;             STRANDEDNESS: single
;             TOPOLOGY: linear
;        MOLECULE TYPE: cDNA
;        FEATURE:
;             NAME/KEY:  CDS
;             LOCATION:  56..3454
;             OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;             /note= "human telomerase reverse
;             transcriptase (hTRT) catalytic protein
;             component"
;        SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 224:
US-10-054-295-224

  Query Match            100.0%;  Score 4015;  DB 14;  Length 4015;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
```

```
Qy     1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy     1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy     1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy     1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy     1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy     1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy     1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy     1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy     1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy     1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy     1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy     1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy     2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy     2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy     2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy     2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy     2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy     2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy     2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy     2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy     2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy     2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy     2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy     2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy     2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy     2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy     2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy     2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy     3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy     3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy     3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy     3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy     3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy     3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy     3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy     3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy     3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

RESULT 8

```
US-10-054-611-224
; Sequence 224, Application US/10054611
; Publication No. US20030059787A1
;  GENERAL INFORMATION:
;       APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                  Lingner, Joachim
;                  Nakamura, Toru
;                  Chapman, Karen B.
;                  Morin, Gregg B.
;                  Harley, Calvin
;                  Andrews, William H.
;       TITLE OF INVENTION: No. US20030059787A1el Telomerase
;       NUMBER OF SEQUENCES: 225
;       CORRESPONDENCE ADDRESS:
;            ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;            STREET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
;            CITY: San Francisco
;            STATE: California
;            COUNTRY: United States of America
;            ZIP: 94111
;       COMPUTER READABLE FORM:
;            MEDIUM TYPE: Floppy disk
;            COMPUTER: IBM PC compatible
;            OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;            SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;       CURRENT APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/10/054,611
;            FILING DATE: 18-Jan-2002
;            CLASSIFICATION: 536
;       PRIOR APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: 08/854,050
;            FILING DATE: <Unknown>
;            APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;            FILING DATE: 25-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;            FILING DATE: 18-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;            FILING DATE: 01-OCT-1996
;       ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;            NAME: Apple,  Randolph T.
;            REGISTRATION NUMBER: 36,429
;            REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002930US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;            TELEPHONE: (415) 576-0200
;            TELEFAX: (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO: 224:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;            LENGTH: 4015 base pairs
;            TYPE: nucleic acid
;            STRANDEDNESS: single
;            TOPOLOGY: linear
;       MOLECULE TYPE: cDNA
;       FEATURE:
;            NAME/KEY:  CDS
;            LOCATION:  56..3454
;            OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;            /note= "human telomerase reverse
;            transcriptase (hTRT) catalytic protein
;            component"
;       SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 224:
US-10-054-611-224

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 14;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
```

```
Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


RESULT 9
US-10-105-963-1
; Sequence 1, Application US/10105963
; Publication No. US20030068818A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Denning, Chris
;  APPLICANT:  Clark, A. John
;  APPLICANT:  Schiff, J. Michael
;  TITLE OF INVENTION: Animal Tissue with Carbohydrate Antigens Compatible for Human
;  TITLE OF INVENTION:  Transplantation and a Carbohydrate Determinant Selection System f
;  TITLE OF INVENTION:  Recombination
;  FILE REFERENCE: 731/002
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/105,963
;  CURRENT FILING DATE:  2002-03-21
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/277,811
;  PRIOR FILING DATE: 2001-03-21
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 40
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 4015
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (56)..(3454)
;   OTHER INFORMATION:
US-10-105-963-1

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 14;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
```

```
Qy        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy        3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy        3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy        3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy        3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy        3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 10
US-10-044-692-1
; Sequence 1, Application US/10044692
; Publication No. US20030096344A1
;  GENERAL INFORMATION:
;       APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                  Lingner, Joachim
;                  Nakamura, Toru
;                  Chapman, Karen B.
;                  Morin, Gregg B.
;                  Harley, Calvin
;                  Andrews, William H.
;       TITLE OF INVENTION: HUMAN TELOMERASE CATALYTIC SUBUNIT:  DIAGNOSTIC AND
;                           THERAPEUTIC METHODS
;       NUMBER OF SEQUENCES: 335
;       CORRESPONDENCE ADDRESS:
;            ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;            STREET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
;            CITY: San Francisco
;            STATE: California
;            COUNTRY: United States of America
;            ZIP: 94111
;       COMPUTER READABLE FORM:
;            MEDIUM TYPE: Floppy disk
;            COMPUTER: IBM PC compatible
;            OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;            SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;       CURRENT APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: US/10/044,692
;            FILING DATE: 11-Jan-2002
;            CLASSIFICATION: <Unknown>
;       PRIOR APPLICATION DATA:
;            APPLICATION NUMBER: 08/912,951
;            FILING DATE: <Unknown>
;            APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;            FILING DATE: 09-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;            FILING DATE: 06-MAY-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;            FILING DATE: 25-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;            FILING DATE: 18-APR-1997
;            APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;            FILING DATE: 01-OCT-1996
;       ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;            NAME: Apple,  Randolph T.
;            REGISTRATION NUMBER: 36,429
;            REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002600US
;       TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;            TELEPHONE: (415) 576-0200
;            TELEFAX: (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
;       SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;            LENGTH: 4015 base pairs
;            TYPE: nucleic acid
;            STRANDEDNESS: single
;            TOPOLOGY: linear
```

```
;          MOLECULE TYPE: cDNA
;          FEATURE:
;               NAME/KEY:  CDS
;               LOCATION:  56..3454
;               OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;               /note= "human telomerase reverse
;               transcriptase (hTRT) catalytic protein
;               component"
;          SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1:
US-10-044-692-1

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 14;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
```

```
Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

RESULT 11
US-10-044-539-1
; Sequence 1, Application US/10044539
; Publication No. US20030100093A1
;   GENERAL INFORMATION:
;   APPLICANT: Cech, Thomas R.
;   Lingner, Joachim
;   Nakamura, Toru

```
;                 Chapman, Karen B.
;                 Morin, Gregg B.
;                 Harley, Calvin
;                 Andrews, William H.
;        TITLE OF INVENTION: HUMAN TELOMERASE CATALYTIC SUBUNIT:  DIAGNOSTIC AND
;                              THERAPEUTIC METHODS
;        NUMBER OF SEQUENCES: 335
;        CORRESPONDENCE ADDRESS:
;             ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;             STREET: Two Embarcadero Center, 8th Floor
;             CITY: San Francisco
;             STATE: California
;             COUNTRY: United States of America
;             ZIP: 94111
;        COMPUTER READABLE FORM:
;             MEDIUM TYPE: Floppy disk
;             COMPUTER: IBM PC compatible
;             OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;             SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;        CURRENT APPLICATION DATA:
;             APPLICATION NUMBER: US/10/044,539
;             FILING DATE: 11-Jan-2002
;             CLASSIFICATION: 435
;        PRIOR APPLICATION DATA:
;             APPLICATION NUMBER: 08/912,951
;             FILING DATE: <Unknown>
;             APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;             FILING DATE: 09-MAY-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;             FILING DATE: 06-MAY-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;             FILING DATE: 25-APR-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;             FILING DATE: 18-APR-1997
;             APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;             FILING DATE: 01-OCT-1996
;        ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;             NAME: Apple,  Randolph T.
;             REGISTRATION NUMBER: 36,429
;             REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002600US
;        TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;             TELEPHONE: (415) 576-0200
;             TELEFAX: (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
;        SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;             LENGTH: 4015 base pairs
;             TYPE: nucleic acid
;             STRANDEDNESS: single
;             TOPOLOGY: linear
;        MOLECULE TYPE: cDNA
;        FEATURE:
;             NAME/KEY:  CDS
;             LOCATION:  56..3454
;             OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;             /note= "human telomerase reverse
;             transcriptase (hTRT) catalytic protein
;             component"
;        SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1:
US-10-044-539-1

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 15;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
```

```
Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 12
US-10-325-810-1
; Sequence 1, Application US/10325810
; Publication No. US20030204069A1
;   GENERAL INFORMATION:
;         APPLICANT: Cech, Thomas R.
;                    Lingner, Joachim
;                    Nakamura, Toru
;                    Chapman, Karen B.
;                    Morin, Gregg B.
;                    Harley, Calvin B.
;                    Andrews, William H.
;         TITLE OF INVENTION: Human Telomerase Catalytic Subunit
;         NUMBER OF SEQUENCES: 633
;         CORRESPONDENCE ADDRESS:
;              ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
;              STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;              CITY: San Francisco
;              STATE: California
;              COUNTRY: USA
;              ZIP: 94111-3834
;         COMPUTER READABLE FORM:
;              MEDIUM TYPE: Floppy disk
;              COMPUTER: IBM PC compatible
;              OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
;              SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;         CURRENT APPLICATION DATA:
;              APPLICATION NUMBER: US/10/325,810
;              FILING DATE: 20-Dec-2002
;              CLASSIFICATION: <Unknown>
;         PRIOR APPLICATION DATA:
;              APPLICATION NUMBER: US/09/402,181
;              FILING DATE: 29-Sep-1997
;              APPLICATION NUMBER: US 08/724,643
;              FILING DATE: 01-OCT-1996
;              APPLICATION NUMBER: US 08/844,419
;              FILING DATE: 18-APR-1997
;              APPLICATION NUMBER: US 08/846,017
;              FILING DATE: 25-APR-1997
;              APPLICATION NUMBER: US 08/851,843
;              FILING DATE: 06-MAY-1997
;              APPLICATION NUMBER: US 08/854,050
;              FILING DATE: 09-MAY-1997
;              APPLICATION NUMBER: US 08/911,312
;              FILING DATE: 14-AUG-1997
;              APPLICATION NUMBER: US 08/912,951
;              FILING DATE: 14-AUG-1997
;              APPLICATION NUMBER: US 08/915,503
;              FILING DATE: 14-AUG-1997
;              APPLICATION NUMBER: WO PCT/US97/17885
;              FILING DATE: 01-OCT-1997
;         ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;              NAME: Ausenhus, Scott L.
;              REGISTRATION NUMBER: 42,271
;              REFERENCE/DOCKET NUMBER: 015389-002620US
;         TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;              TELEPHONE: (415) 576-0200
;              TELEFAX: (415) 576-0300
;    INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
;         SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;              LENGTH: 4015 base pairs
;              TYPE: nucleic acid
;              STRANDEDNESS: single
;              TOPOLOGY: linear
;         MOLECULE TYPE: cDNA
;         FEATURE:
;              NAME/KEY:  CDS
;              LOCATION:  56..3454
;              OTHER INFORMATION:  /product= "hTRT"
;              /note= "human telomerase reverse
;              transcriptase (hTRT) catalytic protein
;              component"
;         SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 1:
US-10-325-810-1

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 15;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
```

```
Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

```
RESULT 13
US-10-388-578-1
; Sequence 1, Application US/10388578
; Publication No. US20030224411A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Stanton, Lawrence
;  APPLICANT:  Ralph, Brandenberger
;  APPLICANT:  Joseph, Gold D.
;  APPLICANT:  John, Irving
;  APPLICANT:  Mandalam, Ramkumar
;  APPLICANT:  Mok, Michael
;  APPLICANT:  Shelton, Dawne
;  TITLE OF INVENTION: Genes that are Up- or Down-Regulated During Differentiation of Hum
;  TITLE OF INVENTION:  Embryonic Stem Cells
;  FILE REFERENCE: 135/001
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/388,578
;  CURRENT FILING DATE:  2003-03-13
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 139
;  SOFTWARE: Custom
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 4015
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (56)..(3454)
;   OTHER INFORMATION:
US-10-388-578-1

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 15;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
```

```
Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy        2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy        2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy        2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy        2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy        3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy        3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy        3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy        3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy        3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

RESULT 14

```
US-10-449-565-1
; Sequence 1, Application US/10449565
; Publication No. US20030225027A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Huang, Jun Jian
;  APPLICANT:  Huang, Cui-Fen
;  APPLICANT:  Lin, Marie
;  APPLICANT:  King, Hsiang-fu
;  TITLE OF INVENTION: Telomerase Reverse Transcriptase Fragments and Uses thereof
;  FILE REFERENCE: 9661-037
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/449,565
;  CURRENT FILING DATE:  2003-05-30
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/384,806
;  PRIOR FILING DATE: 2002-05-31
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 2
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.2
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 4015
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (2702)..(3454)
US-10-449-565-1

  Query Match             100.0%;  Score 4015;  DB 15;  Length 4015;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
```

```
Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220

Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015


RESULT 15
US-10-602-441-1
; Sequence 1, Application US/10602441
; Publication No. US20040106128A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Geron Corporation
;  APPLICANT:  Majumdar, Anish Sen
;  APPLICANT:  Ferber, Iris
;  APPLICANT:  Frolkis, Maria
;  APPLICANT:  Wang, Zhuo
;  TITLE OF INVENTION: Cancer Vaccines Containing Xenogeneic Epitopes of Telomerase Rever
;  TITLE OF INVENTION:  Transcriptase
;  FILE REFERENCE: 086/002
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/602,441
;  CURRENT FILING DATE:  2003-06-24
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/393,295
;  PRIOR FILING DATE: 2002-06-27
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 12
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 4015
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-602-441-1

  Query Match              100.0%;  Score 4015;  DB 17;  Length 4015;
  Best Local Similarity    100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4015;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db          1 GCAGCGCTGCGTCCTGCTGCGCACGTGGGAAGCCCTGGCCCCGGCCACCCCCGCGATGCC 60

Qy         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GCGCGCTCCCCGCTGCCGAGCCGTGCGCTCCCTGCTGCGCAGCCACTACCGCGAGGTGCT 120

Qy        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCCGCTGGCCACGTTCGTGCGGCGCCTGGGGCCCCAGGGCTGGCGGCTGGTGCAGCGCGG 180

Qy        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GGACCCGGCGGCTTTCCGCGCGCTGGTGGCCCAGTGCCTGGTGTGCGTGCCCTGGGACGC 240

Qy        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 ACGGCCGCCCCCCGCCGCCCCCTCCTTCCGCCAGGTGTCCTGCCTGAAGGAGCTGGTGGC 300

Qy        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 CCGAGTGCTGCAGAGGCTGTGCGAGCGCGGCGCGAAGAACGTGCTGGCCTTCGGCTTCGC 360

Qy        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTGCTGGACGGGGCCCGCGGGGGCCCCCCCGAGGCCTTCACCACCAGCGTGCGCAGCTA 420

Qy        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 CCTGCCCAACACGGTGACCGACGCACTGCGGGGGAGCGGGGCGTGGGGGCTGCTGCTGCG 480

Qy        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CCGCGTGGGCGACGACGTGCTGGTTCACCTGCTGGCACGCTGCGCGCTCTTTGTGCTGGT 540

Qy        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGCTCCCAGCTGCGCCTACCAGGTGTGCGGGCCGCCGCTGTACCAGCTCGGCGCTGCCAC 600

Qy        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 TCAGGCCCGGCCCCCGCCACACGCTAGTGGACCCCGAAGGCGTCTGGGATGCGAACGGGC 660

Qy        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CTGGAACCATAGCGTCAGGGAGGCCGGGGTCCCCCTGGGCCTGCCAGCCCCGGGTGCGAG 720

Qy        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 GAGGCGCGGGGGCAGTGCCAGCCGAAGTCTGCCGTTGCCCAAGAGGCCCAGGCGTGGCGC 780

Qy        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 TGCCCCTGAGCCGGAGCGGACGCCCGTTGGGCAGGGGTCCTGGGCCCACCCGGGCAGGAC 840

Qy        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 GCGTGGACCGAGTGACCGTGGTTTCTGTGTGGTGTCACCTGCCAGACCCGCCGAAGAAGC 900

Qy        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 CACCTCTTTGGAGGGTGCGCTCTCTGGCACGCGCCACTCCCACCCATCCGTGGGCCGCCA 960

Qy        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GCACCACGCGGGCCCCCCATCCACATCGCGGCCACCACGTCCCTGGGACACGCCTTGTCC 1020

Qy       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1021 CCCGGTGTACGCCGAGACCAAGCACTTCCTCTACTCCTCAGGCGACAAGGAGCAGCTGCG 1080

Qy       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1081 GCCCTCCTTCCTACTCAGCTCTCTGAGGCCCAGCCTGACTGGCGCTCGGAGGCTCGTGGA 1140

Qy       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1141 GACCATCTTTCTGGGTTCCAGGCCCTGGATGCCAGGGACTCCCCGCAGGTTGCCCCGCCT 1200

Qy       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1201 GCCCCAGCGCTACTGGCAAATGCGGCCCCTGTTTCTGGAGCTGCTTGGGAACCACGCGCA 1260

Qy       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1261 GTGCCCCTACGGGGTGCTCCTCAAGACGCACTGCCCGCTGCGAGCTGCGGTCACCCCAGC 1320

Qy       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1321 AGCCGGTGTCTGTGCCCGGGAGAAGCCCCAGGGCTCTGTGGCGGCCCCCGAGGAGGAGGA 1380

Qy       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1381 CACAGACCCCCGTCGCCTGGTGCAGCTGCTCCGCCAGCACAGCAGCCCCTGGCAGGTGTA 1440

Qy       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1441 CGGCTTCGTGCGGGCCTGCCTGCGCCGGCTGGTGCCCCCAGGCCTCTGGGGCTCCAGGCA 1500

Qy       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1501 CAACGAACGCCGCTTCCTCAGGAACACCAAGAAGTTCATCTCCCTGGGGAAGCATGCCAA 1560

Qy       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GCTCTCGCTGCAGGAGCTGACGTGGAAGATGAGCGTGCGGGACTGCGCTTGGCTGCGCAG 1620

Qy       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1621 GAGCCCAGGGGTTGGCTGTGTTCCGGCCGCAGAGCACCGTCTGCGTGAGGAGATCCTGGC 1680

Qy       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1681 CAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAGCTGCTCAGGTCTTTCTTTTA 1740

Qy       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1741 TGTCACGGAGACCACGTTTCAAAAGAACAGGCTCTTTTTCTACCGGAAGAGTGTCTGGAG 1800

Qy       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1801 CAAGTTGCAAAGCATTGGAATCAGACAGCACTTGAAGAGGGTGCAGCTGCGGGAGCTGTC 1860

Qy       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1861 GGAAGCAGAGGTCAGGCAGCATCGGGAAGCCAGGCCCGCCCTGCTGACGTCCAGACTCCG 1920

Qy       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1921 CTTCATCCCCAAGCCTGACGGGCTGCGGCCGATTGTGAACATGGACTACGTCGTGGGAGC 1980

Qy       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1981 CAGAACGTTCCGCAGAGAAAAGAGGGCCGAGCGTCTCACCTCGAGGGTGAAGGCACTGTT 2040

Qy       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2041 CAGCGTGCTCAACTACGAGCGGGCGCGGCGCCCCGGCCTCCTGGGCGCCTCTGTGCTGGG 2100

Qy       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2101 CCTGGACGATATCCACAGGGCCTGGCGCACCTTCGTGCTGCGTGTGCGGGCCCAGGACCC 2160

Qy       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2161 GCCGCCTGAGCTGTACTTTGTCAAGGTGGATGTGACGGGCGCGTACGACACCATCCCCCA 2220
```

```
Qy       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2221 GGACAGGCTCACGGAGGTCATCGCCAGCATCATCAAACCCCAGAACACGTACTGCGTGCG 2280

Qy       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2281 TCGGTATGCCGTGGTCCAGAAGGCCGCCCATGGGCACGTCCGCAAGGCCTTCAAGAGCCA 2340

Qy       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2341 CGTCTCTACCTTGACAGACCTCCAGCCGTACATGCGACAGTTCGTGGCTCACCTGCAGGA 2400

Qy       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2401 GACCAGCCCGCTGAGGGATGCCGTCGTCATCGAGCAGAGCTCCTCCCTGAATGAGGCCAG 2460

Qy       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2461 CAGTGGCCTCTTCGACGTCTTCCTACGCTTCATGTGCCACCACGCCGTGCGCATCAGGGG 2520

Qy       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2521 CAAGTCCTACGTCCAGTGCCAGGGGATCCCGCAGGGCTCCATCCTCTCCACGCTGCTCTG 2580

Qy       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2581 CAGCCTGTGCTACGGCGACATGGAGAACAAGCTGTTTGCGGGGATTCGGCGGGACGGGCT 2640

Qy       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2641 GCTCCTGCGTTTGGTGGATGATTTCTTGTTGGTGACACCTCACCTCACCCACGCGAAAAC 2700

Qy       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2701 CTTCCTCAGGACCCTGGTCCGAGGTGTCCCTGAGTATGGCTGCGTGGTGAACTTGCGGAA 2760

Qy       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2761 GACAGTGGTGAACTTCCCTGTAGAAGACGAGGCCCTGGGTGGCACGGCTTTTGTTCAGAT 2820

Qy       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2821 GCCGGCCCACGGCCTATTCCCCTGGTGCGGCCTGCTGCTGGATACCCGGACCCTGGAGGT 2880

Qy       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2881 GCAGAGCGACTACTCCAGCTATGCCCGGACCTCCATCAGAGCCAGTCTCACCTTCAACCG 2940

Qy       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2941 CGGCTTCAAGGCTGGGAGGAACATGCGTCGCAAACTCTTTGGGGTCTTGCGGCTGAAGTG 3000

Qy       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3001 TCACAGCCTGTTTCTGGATTTGCAGGTGAACAGCCTCCAGACGGTGTGCACCAACATCTA 3060

Qy       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3061 CAAGATCCTCCTGCTGCAGGCGTACAGGTTTCACGCATGTGTGCTGCAGCTCCCATTTCA 3120

Qy       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3121 TCAGCAAGTTTGGAAGAACCCCACATTTTTCCTGCGCGTCATCTCTGACACGGCCTCCCT 3180

Qy       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3181 CTGCTACTCCATCCTGAAAGCCAAGAACGCAGGGATGTCGCTGGGGGCCAAGGGCGCCGC 3240

Qy       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3241 CGGCCCTCTGCCCTCCGAGGCCGTGCAGTGGCTGTGCCACCAAGCATTCCTGCTCAAGCT 3300

Qy       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 GACTCGACACCGTGTCACCTACGTGCCACTCCTGGGGTCACTCAGGACAGCCCAGACGCA 3360

Qy       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 GCTGAGTCGGAAGCTCCCGGGGACGACGCTGACTGCCCTGGAGGCCGCAGCCAACCCGGC 3420

Qy       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 ACTGCCCTCAGACTTCAAGACCATCCTGGACTGATGGCCACCCGCCCACAGCCAGGCCGA 3480

Qy       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 GAGCAGACACCAGCAGCCCTGTCACGCCGGGCTCTACGTCCCAGGGAGGGAGGGGCGGCC 3540

Qy       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3541 CACACCCAGGCCCGCACCGCTGGGAGTCTGAGGCCTGAGTGAGTGTTTGGCCGAGGCCTG 3600

Qy       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3601 CATGTCCGGCTGAAGGCTGAGTGTCCGGCTGAGGCCTGAGCGAGTGTCCAGCCAAGGGCT 3660

Qy       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3661 GAGTGTCCAGCACACCTGCCGTCTTCACTTCCCCACAGGCTGGCGCTCGGCTCCACCCCA 3720

Qy       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3721 GGGCCAGCTTTTCCTCACCAGGAGCCCGGCTTCCACTCCCCACATAGGAATAGTCCATCC 3780

Qy       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3781 CCAGATTCGCCATTGTTCACCCCTCGCCCTGCCCTCCTTTGCCTTCCACCCCCACCATCC 3840

Qy       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3841 AGGTGGAGACCCTGAGAAGGACCCTGGGAGCTCTGGGAATTTGGAGTGACCAAAGGTGTG 3900

Qy       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3901 CCCTGTACACAGGCGAGGACCCTGCACCTGGATGGGGGTCCCTGTGGGTCAAATTGGGGG 3960

Qy       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3961 GAGGTGCTGTGGGAGTAAAATACTGAATATATGAGTTTTTCAGTTTTGAAAAAAA 4015
```

Search completed: October 30, 2004, 07:45:07
Job time : 1774 secs